

09/673400

529 Rec'd PCT 17 OCT 2000

WORLD INTELLECTUAL PROPERTY ORGANIZATION

PCT

International Office

INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED ACCORDING TO THE
INTERNATIONAL PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(51) International Patent Classification⁶:

C12N 15/00

A2

(11) International Publication Number: WO 99/54448

(43) International Publication Date: October 28, 1999
(10/28/1999)

(21) International File Number: PCT/DE99/01178

(22) International Application Date: April 15, 1999 (4/15/99)

(30) Priority Data: 198 17 947.2 April 17, 1998 (4/17/98) DE

(71) Applicant (for all designated countries except US): METAGEN
GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63,
D-14195 Berlin (DE).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/applicants (only for US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd
[DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT,
Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE).
PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-
01474 Schönenfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE];
Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE).
ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin
(DE).

(81) Designated countries: JP, US, European patent (AT, BE, CH,
CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

THIS PAGE BLANK (USPTO)

SN

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM

Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54448
			(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01178	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).
(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)	
(30) Prioritätsdaten: 198 17 947.2 17. April 1998 (17.04.98) DE	Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).	
(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönefeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF UTERUS MYOMA TISSUE**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSMYOMGEWEBE**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of uterus myoma tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Uterusmyom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterusmyom eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31, 52.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 14-18, 30, 31, 52.

20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52, die im Uterusmyom erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 14-18, 30, 31, 52 hybridisieren.

45 Die erfindungsgemäßigen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50 Mit den erfindungsgemäßigen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31, 52 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßigen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßigen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

5 Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

10 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus 15 Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

20 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls 25 Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

35 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

45 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 32 - 51 und ORF ID Nos 53-55.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 32-51 und ORF ID Nos 53-55 aufweisen.
- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq.ID No. 52 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.
- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- 30 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 32 - 51 und Seq. ID Nos 53-55 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden können.

- 40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos 53-55 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Uterusmyom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uterusmyom.

- 45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq.. ID No. 32 bis 51 und Seq. ID Nos 53-55 enthalten.
- 50 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 55 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-31, 52, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-31, 52 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die 5 so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die 10 entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-31, 52 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

B bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
10	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
15	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
20	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
25	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
30	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

25 Erklärung zu den Alignmentparametern

30	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

35 Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
40	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembled. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembled. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembled. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembled. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembled.

15

Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

20

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusmyomgewebe ESTs.

30

Die so assembleden Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assembleden Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Bispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S , z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

35 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
40	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
45	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
50	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
5	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS			
15		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
20	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
25	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
35	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

50 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 31 gefunden, die häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

55

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0104	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0111	0.0051	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064 2.4605
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
20	Niere 0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0224		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0028	
	Gehirn 0.0125	
40	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut 0.0000	
	Hepatisch 0.0000	
	Herz-Blutgefaesse 0.0036	
	Lunge 0.0036	
45	Nebenniere 0.0254	
	Niere 0.0062	
	Placenta 0.0303	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0126	
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
55	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
60	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0468	0.0562	0.8321 1.2018
	Brust 0.0576	0.0752	0.7656 1.3062
	Duenndarm 0.0766	0.0662	1.1586 0.8631
10	Eierstock 0.0509	0.0650	0.7829 1.2774
	Endokrines_Gewebe 0.0596	0.0702	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal 0.0690	0.1203	0.5735 1.7438
	Gehirn 0.0850	0.0873	0.9741 1.0266
15	Haematopoetisch 0.0722	0.0379	1.9056 0.5248
	Haut 0.0918	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0143	0.1100	0.1298 7.7066
	Herz 0.1123	0.0275	4.0862 0.2447
	Hoden 0.0518	0.0819	0.6325 1.5809
	Lunge 0.1080	0.0879	1.2287 0.8138
20	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0307	2.2059 0.4533
	Muskel-Skelett 0.0737	0.0780	0.9445 1.0587
	Niere 0.0407	0.0890	0.4575 2.1857
	Pankreas 0.0463	0.0552	0.8376 1.1939
	Penis 0.0449	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0436	0.0554	0.7874 1.2700
	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0534	0.1426	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0863		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0535		
	Samenblase 0.0890		
	Sinnesorgane 0.0588		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0772		
	Zervix 0.1171		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0583
	Gehirn 0.0500
	Haematopoetisch 0.0590
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0462
	Lunge 0.0578
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0679
	Placenta 0.0545
45	Prostata 0.2493
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
60	Foetal 0.0256
	Gastrointestinal 0.0488
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0227
	Hoden 0.0154
65	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0191
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0128	0.0038	3.4026	0.2939
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0974			
	Gastrointenstinal	0.0333			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0249			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0618			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0384			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0171			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.1103	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0140	0.0010	13.6792	0.0731
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0815	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805 1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.1695	0.0000 undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313 4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428 7.0040
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0883	0.1727 5.7919
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278		
	Gastrointestinal	0.0139		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0213		
	Lunge	0.0253		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0185		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0093		
	Gastrointestinal	0.0122		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0130		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0390	0.0332	1.1734 0.8522
	Brust	0.0345	0.0414	0.8352 1.1973
	Duenndarm	0.0399	0.0662	0.6024 1.6599
	Eierstock	0.0359	0.0546	0.6579 1.5201
10	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0351	1.5040 0.6649
	Gastrointestinal	0.0172	0.0185	0.9319 1.0731
	Gehirn	0.0214	0.0359	0.5965 1.6763
	Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763 1.2881
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516 6.5954
15	Hepatisch	0.0476	0.0323	1.4706 0.6800
	Herz	0.0276	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0633	0.0234	2.7059 0.3696
	Lunge	0.0312	0.0266	1.1724 0.8530
20	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0153	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett	0.0308	0.0360	0.8567 1.1673
	Niere	0.0326	0.0548	0.5948 1.6813
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983 1.6714
	Penis	0.0479	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0153	0.0319	0.4777 2.0934
25	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962 1.1158
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1019	0.2993 3.3415
	Uterus_allgemein	0.0560	0.1908	0.2936 3.4065
	Brust-Hyperplasie	0.0448		
	Prostata-Hyperplasie	0.0446		
	Samenblase	0.1513		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0426		

	FOETUS	%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0974
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0356
	Lunge	0.0325
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0909
	Prostata	0.1496
	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0324
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0131
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0429	0.1278	0.3356 2.9798
	Brust 0.1036	0.1203	0.8613 1.1610
	Duenndarm 0.0215	0.0992	0.2163 4.6240
	Eierstock 0.0599	0.0702	0.8528 1.1726
10	Endokrines_Gewebe 0.0783	0.0426	1.8380 0.5441
	Gastrointestinal 0.0249	0.0786	0.3167 3.1574
	Gehirn 0.0429	0.1284	0.3341 2.9935
	Haematopoetisch 0.0227	0.1136	0.2000 5.0008
	Haut 0.0844	0.1695	0.4982 2.0073
15	Hepatisch 0.0523	0.0712	0.7353 1.3600
	Herz 0.0922	0.1649	0.5590 1.7890
	Hoden 0.0460	0.0585	0.7872 1.2704
	Lunge 0.0447	0.0797	0.5601 1.7853
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0537	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.1490	0.1380	1.0801 0.9258
	Niere 0.0489	0.0479	1.0196 0.9808
	Pankreas 0.0149	0.1049	0.1417 7.0571
	Penis 0.0509	0.1333	0.3819 2.6187
	Prostata 0.0196	0.0319	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium 0.0676	0.1583	0.4268 2.3432
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.3260	0.1169 8.5541
	Uterus_allgemein 0.0560	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0863		
	Prostata-Hyperplasie 0.0297		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.1670
	Gastrointenstinal 0.1444
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0629
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0889
	Lunge 0.0759
45	Nebenniere 0.2535
	Niere 0.1112
	Placenta 0.1091
	Prostata 0.1247
50	Sinnesorgane 0.1004

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0476
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0379
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0486
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0251
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391	0.6949
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0104	0.0245	0.4234	2.3620
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0360	0.1428	7.0040
	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
25	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0213			
FOETUS					
%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointenstinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
45	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
50	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
SINNESORGANE					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0097			
65	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
SINNESORGANE					
0.0000					
Uterus_n					
0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0312	0.0460	0.6780 1.4750
	Brust 0.0192	0.0282	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0368	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0364	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0290	0.0326	0.8882 1.1258
	Gastrointestinal 0.0460	0.0231	1.9880 0.5030
	Gehirn 0.0532	0.0585	0.9094 1.0996
	Haematopoetisch 0.0361	0.0379	0.9528 1.0496
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0647	0.0735 13.5999
15	Herz 0.0699	0.0412	1.6961 0.5896
	Hoden 0.0288	0.4210	0.0683 14.6349
	Lunge 0.0343	0.0368	0.9314 1.0737
	Magen-Speiseroehre 0.0773	0.0230	3.3614 0.2975
20	Muskel-Skelett 0.0497	0.0660	0.7528 1.3283
	Niere 0.0353	0.1575	0.2241 4.4619
	Pankreas 0.0165	0.0939	0.1760 5.6828
	Penis 0.0299	0.0267	1.1232 0.8903
	Prostata 0.0196	0.0298	0.6580 1.5197
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.1583	0.1707 5.8579
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0679	0.3367 2.9702
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0505		
30	Samenblase 0.0890		
	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0399		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0333
	Gehirn 0.0313
40	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0783
	Lunge 0.0217
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0727
	Prostata 0.0997
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0141
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0310
	Uterus_n 0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0468	0.0204	2.2882 0.4370
	Brust	0.0205	0.0451	0.4537 2.2042
	Duenndarm	0.0307	0.0331	0.9268 1.0789
	Eierstock	0.0539	0.0468	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0527	1.0674 0.9369
	Gastrointestinal	0.0249	0.0324	0.7692 1.3001
	Gehirn	0.0333	0.0318	1.0451 0.9568
	Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234 0.9772
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516 6.5954
15	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676 2.7200
	Herz	0.0540	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460 4.0652
	Lunge	0.0291	0.0491	0.5927 1.6872
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.1140	0.1803 5.5448
	Niere	0.0733	0.0274	2.6765 0.3736
	Pankreas	0.0264	0.0331	0.7977 1.2536
	Penis	0.0269	0.0533	0.5054 1.9786
	Prostata	0.0501	0.0341	1.4715 0.6796
25	Uterus_Endometrium	0.0541	0.2639	0.2049 4.8816
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494 4.0097
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0512		
	Prostata-Hyperplasie	0.0386		
	Samenblase	0.0623		
30	Sinnesorgane	0.0470		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286		
	Zervix	0.0426		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557		
	Gastrointenstinal	0.0666		
	Gehirn	0.0626		
40	Haematopoetisch	0.0786		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
	Herz-Blutgefaesse	0.0818		
	Lunge	0.0867		
45	Nebenniere	0.0761		
	Niere	0.0432		
	Placenta	0.0606		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0628		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
55	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0051		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0256		
	Gastrointestinal	0.0732		
60	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0551		
	Hoden	0.0309		
	Lunge	0.0737		
	Nerven	0.0231		
65	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0310		
	Uterus_n	0.0333		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
5	Blase	0.1131	0.1431	0.7900	1.2659	
	Brust	0.1356	0.1692	0.8015	1.2476	
	Duenndarm	0.1962	0.0165	11.8636		0.0843
	Eierstock	0.1827	0.2446	0.7471	1.3385	
10	Endokrines_Gewebe	0.1090	0.1329	0.8202	1.2192	
	Gastrointestinal	0.1878	0.2590	0.7248	1.3797	
	Gehirn	0.1035	0.1325	0.7814	1.2798	
	Haematopoetisch	0.2700	0.1894	1.4257	0.7014	
	Haut	0.1358	0.0847	1.6028	0.6239	
15	Hepatisch	0.0428	0.1812	0.2363	4.2311	
	Herz	0.2586	0.0137	18.8118		0.0532
	Hoden	0.0633	0.1403	0.4510	2.2174	
	Lunge	0.3231	0.2229	1.4495	0.6899	
20	Magen-Speiseroehre	0.1643	0.2147	0.7653	1.3066	
	Muskel-Skelett	0.1970	0.0960	2.0524	0.4872	
	Niere	0.1222	0.2328	0.5248	1.9055	
	Pankreas	0.0876	0.1767	0.4955	2.0183	
	Penis	0.1407	0.1600	0.8798	1.1366	
	Prostata	0.1003	0.0766	1.3080	0.7645	
25	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0528	3.4569	0.2893	
	Uterus_Myometrium	0.1677	0.3804	0.4409	2.2681	
	Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0735				
	Prostata-Hyperplasie	0.0684				
	Samenblase	0.1335				
30	Sinnesorgane	0.0470				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2749				
	Zervix	0.0958				

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointenstinal	0.0639
	Gehirn	0.1063
40	Haematopoetisch	0.1258
	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefaesse	0.0712
	Lunge	0.1517
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0988
	Placenta	0.0909
	Prostata	0.1745
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.3190
	Eierstock_t	0.0709
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0326
	Gastrointestinal	0.1464
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.1328
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.2211
	Nerven	0.0311
65	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0333

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5				
	Blase	0.0156	0.0051	3.0509 0.3278
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671 1.7633
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0234	1.0233 0.9772
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708 0.4829
	Gehirn	0.0022	0.0257	0.0864 11.5747
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765 0.2720
	Herz	0.0276	0.0275	1.0023 0.9977
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0083	0.0245	0.3387 2.9526
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere	0.0081	0.0616	0.1322 7.5658
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677 1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0951	0.0802 12.4748
	Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
30				
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0706		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0106		
35				
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0278		
40				
	Gehirn	0.0000		
	Häematopoetisch	0.0708		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0320		
45				
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.2121		
	Prostata	0.0000		
50				
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55				
	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0233		
60				
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0648		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0164		
65				
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.3093	0.1135	8.8135
	Brust	0.0269	0.0470	0.5716	1.7493
	Duenndarm	0.0092	0.0662	0.1390	7.1929
	Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200
10	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0502	1.0528	0.9498
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0873	0.0254	39.3541
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
15	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
20	Magen-Speiseröhre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0771	0.0540	1.4278	0.7004
	Niere	0.0489	0.0137	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0264	0.0442	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.1066	0.0842	11.8713
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0743	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1494	0.2551	3.9206
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0954	0.1601	6.2452
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkörperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.4387			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.2713			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	1.6121			
	Herz-Blutgefaesse	0.0605			
	Lunge	0.1770			
45	Nebenniere	1.1663			
	Niere	0.8092			
	Placenta	0.7635			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.4665			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0256	0.0432	0.5918	1.6899
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0074	0.0216	0.3428	2.9168
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
20	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0300	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0210	0.1066	0.1966	5.0877
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0883	0.3453	2.8959
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0639			

		FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointenstinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefaesse	0.0000	
	Lunge	0.0145	
45	Nebenniere	0.0761	
	Niere	0.0247	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0408	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.1266	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0047	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0030	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0208	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0051	3.8136	0.2622
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0150	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0133	0.0133	0.9969	1.0031
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0164	0.2540	3.9367
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0540	0.1269	7.8795
	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0165	0.0055	2.9915	0.3343
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0170	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.2111	0.1600	6.2484
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0475	0.1603	6.2374
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0213			
35			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0417	
			Gastrcintenstinal	0.0139	
			Gehirn	0.0125	
40			Haematopoetisch	0.0157	
			Haut	0.0000	
			Hepatisch	0.0000	
			Herz-Blutgefaesse	0.0427	
			Lunge	0.0253	
45			Nebenniere	0.0000	
			Niere	0.0124	
			Placenta	0.0121	
			Prostata	0.0000	
			Sinnesorgane	0.0126	
50					NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
					%Haeufigkeit
			Brust	0.0068	
55			Eierstock_n	0.0000	
			Eierstock_t	0.0051	
			Endokrines_Gewebe	0.0245	
			Foetal	0.0035	
			Gastrointestinal	0.0244	
60			Haematopoetisch	0.0000	
			Haut-Muskel	0.0065	
			Hoden	0.0000	
			Lunge	0.0082	
			Nerven	0.0050	
65			Prostata	0.0137	
			Sinnesorgane	0.0155	
			Uterus_n	0.0042	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627 1.3111
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701 5.8778
	Duenndarm	0.0184	0.0496	0.3707 2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029 9.7228
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569 2.8016
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0240	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0153	0.2542	3.9333
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0251	0.4755	2.1032
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0163	0.0246	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0082	1.6511	0.6057
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0128	1.5354	0.6513
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	T/N	Verhaeltnisse
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178	
	Brust	0.0307	0.0338	0.9074	1.1021	
	Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
	Eierstock	0.0509	0.0286	1.7792	0.5620	
10	Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0301	1.2453	0.8030	
	Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567	0.6036	
	Gehirn	0.0222	0.0452	0.4909	2.0372	
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000	
15	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266	
	Herz	0.0636	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
	Lunge	0.0177	0.0532	0.3322	3.0104	
20	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0960	0.1428	7.0040	
	Niere	0.0217	0.0685	0.3172	3.1524	
	Pankreas	0.0264	0.0055	4.7864	0.2089	
25	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0283	0.0341	0.8317	1.2024	
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702	
30	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0671				
	Prostata-Hyperplasie	0.0476				
	Samenblase	0.0356				
	Sinnesorgane	0.0353				
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121				
	Zervix	0.0532				
			FOETUS			
			%Haeufigkeit			
			Entwicklung	0.0557		
			Gastrointestinal	0.0278		
			Gehirn	0.0688		
40			Haematopoetisch	0.0275		
			Haut	0.0000		
			Hepatisch	0.0000		
			Herz-Blutgefaesse	0.0534		
			Lunge	0.0831		
45			Nebenniere	0.1014		
			Niere	0.0741		
			Placenta	0.0182		
			Prostata	0.1247		
50			Sinnesorgane	0.0000		
					NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
					%Haeufigkeit	
			Brust	0.0000		
55			Eierstock_n	0.0000		
			Eierstock_t	0.0203		
			Endokrines_Gewebe	0.0490		
			Foetal	0.0169		
60			Gastrointestinal	0.0122		
			Haematopoetisch	0.0000		
			Haut-Muskel	0.0259		
			Hoden	0.0000		
			Lunge	0.0082		
65			Nerven	0.0050		
			Prostata	0.0068		
			Sinnesorgane	0.0000		
			Uterus_n	0.0167		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0371	0.0357	1.0387	0.9627
	Duenndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.0390	1.2280	0.8143
10	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0326	1.0972	0.9114
	Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0229	0.0524	0.4376	2.2851
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
	Herz	0.0593	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0145	0.0491	0.2964	3.3743
20	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.1140	0.1052	9.5055
	Niere	0.0299	0.0616	0.4846	2.0634
	Pankreas	0.0281	0.0055	5.0855	0.1966
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0349	0.0319	1.0919	0.9159
25	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0679	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0688
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0427
	Lunge	0.0867
45	Nebenniere	0.1268
	Niere	0.0741
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.1247
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0326
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0518
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0351	0.0332	1.0561 0.9469
	Brust	0.0269	0.0376	0.7146 1.3995
	Duenndarm	0.0337	0.0992	0.3398 2.9425
	Eierstock	0.0240	0.0312	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0075	5.4340 0.1840
	Gastrointestinal	0.0268	0.0971	0.2761 3.6217
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236 1.9098
	Haematopoetisch	0.0013	0.2273	0.0059 170.0273
	Haut	0.0330	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0388	0.2451 4.0800
	Herz	0.0223	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0395	0.0900	0.4388 2.2792
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0857	0.1920	0.4462 2.2413
	Niere	0.0136	0.0205	0.6609 1.5132
	Pankreas	0.0198	0.0221	0.8974 1.1143
	Penis	0.0629	0.0800	0.7862 1.2719
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189 1.2211
25	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0686	0.1630	0.4208 2.3761
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0735		
	Prostata-Hyperplasie	0.0416		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0426		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.1113
	Gastrointenstinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0356
	Lunge	0.0289
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.1333
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0858	0.1048	0.8185 1.2217
	Brust 0.1036	0.1729	0.5992 1.6690
	Duenndarm 0.1226	0.1158	1.0593 0.9441
	Eierstock 0.0958	0.1197	0.8009 1.2486
10	Endokrines_Gewebe 0.0954	0.1128	0.8453 1.1830
	Gastrointestinal 0.0900	0.1573	0.5725 1.7466
	Gehirn 0.0658	0.0924	0.7120 1.4046
	Haematopoetisch 0.1109	0.0758	1.4645 0.6828
	Haut 0.0918	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0333	0.0906	0.3676 2.7200
	Herz 0.2120	0.0412	5.1398 0.1946
	Hoden 0.0690	0.3625	0.1904 5.2509
	Lunge 0.0696	0.1186	0.5869 1.7040
20	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0460	1.0504 0.9520
	Muskel-Skelett 0.0702	0.2820	0.2491 4.0145
	Niere 0.0652	0.1027	0.6344 1.5762
	Pankreas 0.1140	0.1270	0.8974 1.1143
	Penis 0.1018	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.1090	0.1277	0.8530 1.1723
25	Uterus_Endometrium 0.1149	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0686	0.2106	0.3258 3.0692
	Uterus_allgemein 0.0458	0.1908	0.2402 4.1635
	Brust-Hyperplasie 0.1279		
	Prostata-Hyperplasie 0.1159		
	Samenblase 0.1157		
30	Sinnesorgane 0.1059		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0832		
	Zervix 0.1278		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointestinal 0.2471
	Gehirn 0.2189
40	Haematopoetisch 0.1612
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.1560
	Herz-Blutgefaesse 0.2633
	Lunge 0.1012
45	Nebenniere 0.1014
	Niere 0.1112
	Placenta 0.0848
	Prostata 0.3740
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
55	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0658
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0216
	Gastrointestinal 0.0732
60	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.1638
	Nerven 0.0211
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0333

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0273	0.0102	2.6695 0.3746
	Brust 0.0051	0.0019	2.7221 0.3674
	Duenndarm 0.0276	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0180	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0134	0.0046	2.8992 0.3449
	Gehirn 0.0015	0.0164	0.0900 11.1117
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0106	0.0412	0.2570 3.8912
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0052	0.0102	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0060	3.7122 0.2694
	Niere 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
25	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1019	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0130		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0111	
	Gehirn 0.0000	
40	Haematopoetisch 0.0157	
	Haut 0.0000	
	Hepatisch 0.0000	
	Herz-Blutgefaesse 0.0107	
	Lunge 0.0000	
45	Nebenniere 0.0000	
	Niere 0.0247	
	Placenta 0.0000	
	Prostata 0.0000	
50	Sinnesorgane 0.0000	
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0204	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
	Endokrines_Gewebe 0.0490	
	Foetal 0.0093	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0421	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0010	
65	Prostata 0.0274	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust 0.0064	0.0207	0.3093 3.2328
	Duenndarm 0.0153	0.0662	0.2317 4.3157
	Eierstock 0.0180	0.0156	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0204	0.0351	0.5822 1.7176
	Gastrointestinal 0.0153	0.0231	0.6627 1.5090
	Gehirn 0.0510	0.0257	1.9871 0.5032
	Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0466	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0249	0.0348	0.7172 1.3943
20	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett 0.0377	0.0300	1.2564 0.7959
	Niere 0.0244	0.0274	0.8922 1.1209
	Pankreas 0.0083	0.0166	0.4986 2.0057
	Penis 0.0329	0.0267	1.2355 0.8094
	Prostata 0.0131	0.0149	0.8774 1.1397
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0256		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0194
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0434
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.3190
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0373
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0680
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0211
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0458

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0639	1.1593	0.8626
	Brust	0.0691	0.0827	0.8352	1.1973
	Duenndarm	0.0245	0.0496	0.4943	2.0230
	Eierstock	0.0689	0.0494	1.3936	0.7176
10	Endokrines_Gewebe	0.2487	0.5191	0.4791	2.0873
	Gastrointestinal	0.0421	0.0879	0.4796	2.0852
	Gehirn	0.1700	0.1037	1.6395	0.6099
	Haematopoetisch	0.0695	0.0758	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.4237	0.0866	11.5419
15	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0668	0.1375	0.4857	2.0588
	Hoden	0.0460	0.0468	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0592	0.0470	1.2590	0.7943
20	Magen-Speiseroehre	0.1160	0.0690	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0754	0.0960	0.7853	1.2735
	Niere	0.0706	0.0479	1.4728	0.6790
	Pankreas	0.0677	0.0552	1.2265	0.8153
	Penis	0.0988	0.0267	3.7064	0.2698
	Prostata	0.0697	0.0660	1.0566	0.9464
25	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
	Uterus_allgemein	0.1120	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie		0.0565		
	Samenblase		0.0445		
30	Sinnesorgane		0.0823		
	Weisse_Blutkoerperchen		0.0824		
	Zervix		0.0852		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.1113
	Gastrointestinal	0.0805
	Gehirn	0.1376
40	Haematopoetisch	0.1140
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefaesse	0.0996
	Lunge	0.1951
45	Nebenniere	0.1268
	Niere	0.1359
	Placenta	0.1030
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0879

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0544
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0309
60	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0655
	Nerven	0.0783
65	Prostata	0.0547
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0332	1.6428	0.6087
	Brust	0.0269	0.0320	0.8407	1.1896
	Duenndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0546	0.8771	1.1401
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0176	1.8437	0.5424
	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0229	0.0277	0.8266	1.2097
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.1169	0.1968	5.0816
	Lunge	0.0156	0.0307	0.5080	1.9684
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0480	0.2499	4.0023
	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0182	0.0331	0.5484	1.8234
	Penis	0.0180	0.0800	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0277			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointenstinal	0.0639			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0925			
	Lunge	0.0831			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0803			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase	0.0429	0.0486	0.8832	1.1323
	Brust	0.0435	0.0771	0.5643	1.7720
	Duenndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0833	0.4677	2.1381
10	Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0301	1.5283	0.6543
	Gastrointestinal	0.0287	0.0971	0.2958	3.3803
	Gehirn	0.0347	0.0534	0.6507	1.5367
	Haematopoetisch	0.0869	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.0847	0.6498	1.5389
15	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
	Herz	0.0466	0.0137	3.3923	0.2948
	Hoden	0.0173	0.0935	0.1845	5.4203
	Lunge	0.0457	0.0613	0.7451	1.3421
20	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0223	0.1140	0.1954	5.1183
	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas	0.0314	0.0442	0.7105	1.4075
	Penis	0.0779	0.0533	1.4601	0.6849
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
25	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1087	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0803			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0494			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0611
	Gehirn	0.0626
40	Haematopoetisch	0.0708
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefaesse	0.0534
	Lunge	0.0542
45	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.0988
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0332
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0161
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	3.0675	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0230	0.1695 5.8999
	Brust 0.0179	0.0395	0.4537 2.2042
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0300	0.0130	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0251	0.2717 3.6805
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0015	0.0092	0.1600 6.2504
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0368	0.2258 4.4288
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0230	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
20	Niere 0.0136	0.0068	1.9826 0.5044
	Pankreas 0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0278
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0289
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0997
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0304
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0029
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0195	0.0383	0.5085 1.9666
	Brust	0.0256	0.0714	0.3582 2.7919
	Duenndarm	0.0552	0.0331	1.6683 0.5994
	Eierstock	0.0270	0.0468	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0451	1.0566 0.9464
	Gastrointestinal	0.0326	0.0324	1.0058 0.9942
	Gehirn	0.0503	0.0277	1.8132 0.5515
	Haematopoetisch	0.0201	0.1894	0.1059 9.4460
	Haut	0.0367	0.2542	0.1444 6.9252
15	Hepatisch	0.0476	0.0388	1.2255 0.8160
	Herz	0.0699	0.0550	1.2721 0.7861
	Hoden	0.0173	0.1403	0.1230 8.1305
	Lunge	0.0395	0.0818	0.4826 2.0720
20	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0613	1.1030 0.9066
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0300	1.3135 0.7613
	Niere	0.0462	0.0616	0.7490 1.3351
	Pankreas	0.0347	0.0607	0.5711 1.7510
	Penis	0.0509	0.1600	0.3182 3.1424
	Prostata	0.0327	0.0149	2.1935 0.4559
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403 7.1284
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192		
	Prostata-Hyperplasie	0.0565		
	Samenblase	0.0445		
30	Sinnesorgane	0.0941		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390		
	Zervix	0.0319		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557		
	Gastrointenstinal	0.0194		
	Gehirn	0.0188		
40	Haematopoetisch	0.0197		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0320		
	Lunge	0.0325		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0371		
	Placenta	0.0242		
	Prostata	0.0997		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0340		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0396		
60	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0778		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0231		
65	Prostata	0.0479		
	Sinnesorgane	0.0697		
	Uterus_n	0.0291		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0358	1.8523	0.5399
	Brust	0.0512	0.0489	1.0470	0.9551
	Duenndarm	0.0368	0.0496	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0779	0.0728	1.0690	0.9354
10	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0326	1.7242	0.5800
	Gastrointestinal	0.0345	0.0370	0.9319	1.0731
	Gehirn	0.0392	0.0524	0.7482	1.3366
	Haematopoetisch	0.0602	0.0379	1.5880	0.6297
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0647	0.1471	6.7999
	Herz	0.0583	0.0550	1.0601	0.9433
	Hoden	0.0173	0.1520	0.1135	8.8080
	Lunge	0.0208	0.0491	0.4234	2.3620
20	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0420	0.8567	1.1673
	Niere	0.0380	0.0616	0.6168	1.6213
	Pankreas	0.0314	0.0884	0.3552	2.8150
	Penis	0.0689	0.0267	2.5833	0.3871
	Prostata	0.0436	0.0490	0.8901	1.1235
25	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1155	0.3301	3.0296
	Uterus_allgemein	0.0815	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0831			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0520			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointenstinal	0.0389	
	Gehirn	0.0188	
40	Haematopoetisch	0.0472	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefaesse	0.0498	
	Lunge	0.0614	
45	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0741	
	Placenta	0.0364	
	Prostata	0.0499	
	Sinnesorgane	0.0000	
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0093	
	Gastrointestinal	0.0366	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0120	
65	Prostata	0.0205	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0208	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000	
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954	
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef	
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0000				
	Samenblase	0.0089				
30	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	Zervix	0.0000				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointenstinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
40	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefaesse	0.0000				
	Lunge	0.0000				
45	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Placenta	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
55	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0000				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0000				
60	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0000				
65	Prostata	0.0068				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0104	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0111	0.0051	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064 2.4605
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0224		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
55	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
60	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0599	0.0543	1.1037	0.9060
	Blase	0.0507	0.0282	1.7979	0.5562
	Brust	0.0326	0.0450	0.7240	1.3811
	Dickdarm	0.0268	0.0313	0.8563	1.1679
	Duenndarm	0.0439	0.0426	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0564	0.0453	1.2443	0.8037
	Endokrines_Gewebe	0.0642	0.0530	1.2113	0.8255
	Gehirn	0.0380	0.0379	1.0022	0.9978
	Haut	0.0330	0.0789	0.4190	2.3868
15	Hepatisch	0.0093	0.0508	0.1831	5.4614
	Herz	0.0589	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0482	0.0533	0.9047	1.1054
	Lunge	0.0389	0.0499	0.7796	1.2828
20	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0256	0.2833	3.5296
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0702	0.3418	2.9256
	Niere	0.0694	0.0289	2.3984	0.4169
	Pankreas	0.0297	0.0331	0.8974	1.1143
	Prostata	0.0443	0.0287	1.5457	0.6470
	T_Lymphom	0.0505	0.1643	0.3074	3.2533
	Uterus	0.0325	0.0690	0.4715	2.1210
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0363	0.0304	1.1948	0.8370
	Haematopoetisch	0.0495			
	Penis	0.0322			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0470			
30			FOETUS		
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
35	Gastrointenstinal	0.0750			
	Gehirn	0.0876			
	Haematopoetisch	0.0904			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0854			
	Lunge	0.0867			
	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0606			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0628			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0284			
	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0616			
60	Hoden_n	0.0293			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0261			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) *Statistics*, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

25

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), *Nucleic Acids Research* **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

30

35

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

45

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

50

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10 **Beispiel 4**

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

15 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden

20 menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter

25 Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte

30 Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen

35 Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

TABELLE 1

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Myomgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	Human mRNA for ornithine decarboxylase antizyme	"abhydro-lase"	779		
2	erhöht	Human MEST mRNA		2310		
3	erhöht	Human cocaine and amphetamine regulated transcript CART (hCART)		854	5q11.2-q13.1	D5S1730
4	erhöht	Human microfibril-associated glycoprotein (MFAP2)		1112	1p36.11-p36.13	D2S387
5	erhöht	Human mRNA for KIAA0108 gene		1051	2p23.3	
6	erhöht	Human SPARC/Closteonectin	"kazal"	1516	5q32-q33.1	
7	erhöht	Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 7 (SFRS7)	"rrm"	2367	2p22.3-p22.1	Wi-9798
8	erhöht	Human triosephosphate isomerase	3x "TIM"	568		
9	erhöht	Human nuclear ribonucleoprotein particle (hnRNP) C		1775		
10	erhöht	Human thymosin beta-4	"Thymosin"	509		
11	erhöht	Human growth hormone-dependent insulin-like growth factor-binding protein mRNA	"GFBP", "hydro-globulin 1"	2191	7p12.2-p13	
12	erhöht	Human H19		1769		
13	erhöht	Human cellular retinoic acid-binding protein II (CRABP)	"lipocalin"	1026		
14	erhöht	unbekannt	"rrm"	676	14p11.2-14p11.1	Wi-4204
15	erhöht	unbekannt		1254		
16	erhöht	Homolog zu Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein		537		
17	erhöht	unbekannt		823		
18	erhöht	Humanes Homolog zu <i>P. vivax</i> pva1 gene	5x "LRR"	1082		
19	erhöht	Human lumican mRNA		1548	12q21.31-12q21.33	D12S351
20	erhöht	Human 37 kD laminin receptor precursor/p40 ribosome associated protein	"S2"	844		
21	erhöht	Human YMP	"PMP22"	862		
22	erhöht	Human NADH:ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit		546		
23	erhöht	Human mRNA for coupling protein G(s) alpha-subunit	"G-alpha", "arf"	1591	20q13.32-q13.33	
24	erhöht	Human hnRNP core protein A1	"rrm"	441		
25	erhöht	Human HMG-17 gene for non-histone chromosomal protein	"HMG 14_17"	1131		
26	erhöht	H.sapiens mRNA for prolactin (clone PR1205)	"hormone"	1071		

27	erhöht	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein.	"PTN MK"	3x	896		
28	erhöht	H.sapiens mRNA for proliferation-associated gene (pag)	"AhpC-TSA"	1050	1p32.3-p34.3		
29	erhöht	H.sapiens alpha NAC		581			
30	erhöht	unbekannt		264			
31	erhöht	unbekannt		111			
52	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 14	"rrm"	3665	14p11.2-14p11.1	WI-4204	

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

5 PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	
14	32
	33
	34
15	35
	36
	37
16	38
	39
17	40
	41
	42
18	43
	44
	45
30	46
	47
31	48
	49
	50
	51
52	53
	54
	55

Die erforderlichen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

10 (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (D) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe

25 (iii) Anzahl der Sequenzen: 55

25

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

5 agcgagcagc ggcggccggcg cggagagacg cagcggaggt tttcctgggt tcggacccca 60
 gcgccggat ggtgaaatcc tcacctgcagc ggatccctcaa tagccactgc ttgcggcagag120
 agaaggagg ggataaaaccc aegccacca tccacgccc cccgaccatg ccgctccaa180
 gcctgcacag cccggggccg agcagcagtg agagttccag ggtctccctc cactgctgta240
 gtaaccggg tccggggct cggtggtgct cctgatgccc ctcacccacc cctgaagatc300
 10 ccaggtggc gagggaaatag tcaaaggac cacaatctt cagctaactt attctactcc360
 gatgatccgc tgaatgtaac agaggaacta acgtccaaacg acaagacgag gatttcacac420
 gtccagtcca ggctcacaga cgccaaacgc attaactggc gaacagtgc gaggggccgc480
 actgctctac atcgagatcc cggccggcgc gctgcccag gggagcaagg acagcttgc540
 agttctctg ggagttcgct gaggagcagc tgcgaggccg accatgtctt aatttgcttc600
 15 cacaagaacc cccgaggacag agccgcctt ctccgaacct tcagctttt cgggcttgag660
 attttgagac cggggcatcc ccttggttcc ccaagagacc cgacgcttgc ttcatggcc720
 tacaagtttc gagagagagt ctttggggag aggaagaagg attagggcc gctcggt 779

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2310 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

45 gttctccgaa acatggagtc ctgttaggcaa ggtcttacct gaatcaggat gaggggatgg 60
 tgggtccagg tggggctgct gcccgtgcc ctgcttgct cgtacctgca catcccaccc 120
 cctcagcgct cccctgccc tcaactcatgg aagtcttca gcaagttttt cacttacaag 180
 ggactgcgta tcttctacca agactctgtt ggtgtgggtt gaagtccaga gataagttgt 240
 ctttacacg gtttccaac atccagctac gactggatca agatttggga aggtctgacc 300
 ttgaggttcc atcgggtgat tgcccttgc ttcttaggct ttggcttcag tgacaaaccg 360
 50 agaccacatc actattccat atttgagcag gccagcatcg tggaaagcgtt tttgcggcat 420
 ctggggctcc agaaccgcag gatcaaccc ttttctcatg actatggaga tatttgtgt 480
 caggagcttc tctacaggtt caagcagaat cgatctggtc ggcttaccat aaagagtctc 540
 tgtctgtcaa atggaggtat ctttccctgag actcaccgtc cactccttct cccaaaagcta 600
 ctc当地atg gaggtgtgt gtcaccatc ctcacacgac tggatgactt ctttgtattc 660
 55 tctcgagggtc tcacccatc ctttggggccg tataactcgcc cctctgagag tgagctgtgg 720
 gacatgtggg caggatccg caacaatgac gggaaacttag tcattgacag tctcttacag 780

5	tacatcaaatc	agaggaagaa	gttcagaagg	cgctgggtgg	gagctttgc	ctctgttaact	840
	atccccatc	atttatcta	tgggccattg	gatcctgtaa	atccctatcc	agagtttttg	900
	gagctgtaca	ggaaaacgct	gcccggtcc	acagtgtcga	ttctggatga	ccacattagc	960
	caactatccac	agctagagga	tcccatggc	ttcttgaatg	catatatggg	cttcatcaac	1020
	tccttctgag	ctggaaagag	tagttccct	gtattacctc	ccctactccc	ttatgtgttg	1080
	tgtattccac	ttaggaagaa	atgcccaaaa	gaggtcttgg	ccatcaaaca	taattctctc	1140
10	acaaaagtcca	ctttactcaa	attggtaaac	agtgtatagg	aagaagccag	caggagctct	1200
	gactaagggtt	gacataatag	tccacctccc	attactttga	tatctgatca	aatgtataga	1260
	cttggctttg	tttttgtgc	tattagaaaa	ttctgtatgag	cattactatt	cactgtatgc	1320
	gaaagacgtt	ctttgcata	aaagactttt	tttaacactt	tggacttctc	tgaaatattt	1380
	agaagtgcta	attttctggcc	cacccccaac	aggaattctta	tagtaagggg	gaggagaagg	1440
	ggggctccct	ccctctccctc	gaatgacggtt	atgggcacat	gcctttaaa	agttcttaa	1500
	gcaacacaga	gctgagtcct	cttgcata	ccttggatt	tagtgcattca	tcaagtgttt	1560
	ttagttataa	acattttgtt	aaaatagata	ttggttaaa	tgatacagta	ttttaggtat	1620
15	gatttaagac	tatgattttac	ctatacatta	tatataaaaa	ataaaagatac	taaaccagca	1680
	tacccttact	ctgccagagt	agtgaagcta	attaaacacg	tttggtttct	gaataaaattt	1740
	aactaaatcc	aaactatttc	ctaaaatcac	aggacattaa	ggaccaatag	catctgtgcc	1800
	agagatgtac	tgttatttagc	tgggaagacc	aattctaaac	gcaaataaca	gtctgagact	1860
20	cctcataacct	cagtggttag	aagcatgtct	ctcttgagct	acagtagagg	ggaagggatt	1920
	gttgtgttagt	caagtcacca	tgctgaatgt	acactgattc	ctttatgatg	actgcttaac	1980
	tccccactgc	ctgtcccaga	gaggcttcc	aatgttagctc	agtaatttcc	gttactttac	2040
	agacaggaaa	gttccagaaa	ctttaagaac	aaactctgaa	agacctatga	gcaaatgggt	2100
	ctgaataactt	ttttttaaa	gccacatttc	attgtcttag	tcaaagcagg	attattaagt	2160
	gattatttaa	aattcgttt	tttaaattag	caacttcaag	tataacaact	ttgaaactgg	2220
25	aataagtgtt	tattttctat	taataaaaaat	gaattgtgac	aaaaaaaaaa	aaaggcttcg	2280
	gcttttgaag	tctatgtgt	gggggggggt				2310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 854 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

55 ctgcacgggg gctcggtctc actataaaaag gtgggagcgc gtgggtcccc agcaacgcacg 60
      agtttcagaa cgatggagag ctcccgctg aggctgtgc ccctcctggg cgccgcctg120
      ctgctgatgc tacctctgtt gggtaccctgt gcccaggagg acgcccagct ccagccccgaa180
      gccctggaca tctactctgc cgtggatgtat gcctcccacg agaaggagct gatcgaagcg240
      ctqcaagaqaq tcttgaagaa gctcaagagt aaacgtgttc ccatcttatga gaagaagtat300

```

ggccaaagtcc ccatgtgtga cgccggtagag cagtgtcag tgaggaaagg ggcaaggatc 360
 gggaaagctgt gtgactgtcc cggaggaacc tcctgcaatt ccttcctcct gaagtgttta 420
 tgaaggggcg tccattctcc tccatacatac cccatccctc tactttcccc agaggaccac 480
 5 accttcctcc ctggagtttgc gctaagcaa cagataaaat ttttattttc ctctgaagg 540
 aaagggtctt ttccctgtt tttcaaaaat aaaagaacac attagatgtt actgtgtgaa 600
 gaataatgcc ttgtatgtt ttgatacgtg tgtgaagtat tcttatttttta tttgtctgac 660
 aaactcttgt gtaccttgtt gtaaagaagg gaagcttgc ttgaaaatttgc tattttgtt 720
 tgtggcatgg cagaatgaaa attagatcta gctaactcg gtatgtca ttacaacctg 780
 gaaaataaaat caccctaagt gacacaaattt gaaagcatgtt caaattatac ataataaaat 840
 10 gtttttaata attg 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1112 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

cgcgcagcccc gtcggggggcc cgggggggac tcggagcggg ccaagggggc gctccggcgg 60
 gcgactcgg agcggggggc ggagtggacc ggacagctgt cctctctgac accaccccg 120
 cctgcctt tttgcgtatg agagctgcct accttcctt gctattccctg cctgcaggct 180
 40 tgctggctca gggccatgt gacctggacc cgctggcc gttccctgac cacgtccagt 240
 acacccacta tagcgaccat atcgacaacc cagactacta tgattatcaa gaggtgactc 300
 ctggccctc cgaggaacag ttccagttcc agtcccagca gcaagtccaa caggaagtca 360
 tcccgcccc aaccccgaaa ccaggaaatg cagactggc gcccacagag cctggccctc 420
 ttgactggc tgaggaacag taccctgtca cccgcctcta ctccatacac aggcttgca 480
 45 aacagtgtct caacgaggtc tgcttctaca gcctccggc tggatgtacgtc attaacaagg 540
 agatctgtgt tcgtacagtg tggccatgt aggagctctt ccgagctgac ctctgtcggg 600
 acaagtctc caaatgtggc gtatggcca gcagggcct gtgccaatcc gtggccgct 660
 cctgtggccatg gagctgtggg agctgttagg gtgggtgtgg catctgttgcgtt cctggccctc 720
 50 ctggatctg gggccctcg gcccctgcctg acctgggtct ttttccca tccccatgtt 780
 cctttatttc tgtaaaaaatg tagtggactg cagccctggg gtttgcaggg tgcgggtcc 840
 cagggccctc ttccagcctg tggccaccc tggggcacca ccactgccc 900
 gtcgtccctt cgggtgggg gaggatccca ggcctctctg tggggaccctg ggcctgtacg 960
 ggccttctca gcccgttttgg aggacagaca gtccccccgag gttaggtaca tccccccacc 1020
 55 ccagctggtc tgcttggatt tcctacagcc cccgtggca tggaccaccc ttattttata 1080
 caaaataaaaa aacaagttt tacaaaaaaa aa 1112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1051 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
10 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

25	gcgcaggcgc gaagaagctg gcagggcac gagccgggg cgggttgaa gacgcgtcg 60
	tgggtttgg aggccgtgaa acagccgtt gagttggct gcccgtggag aacgtttgtc 120
	aggggcccgg ccaagaagga ggcggcctg ttacgtggt gtcctatgagt ttcaagcgg 180
	accgcgtga cccgttctac agcacccggt gctgcggctg ttgcctatgtc cgacccggg 240
	cgatcatcct gggacctgg tacatggtag taaacctatt gatggcaatt ttgctgactg 300
30	tggaaagtgc tcatccaaac tccatgccag ctgtcaacat tcaatgtgaa gtcatcggt 360
	attactattc gtctgagaga atggctgata atgcctgtgt tcttttgcc gtctctgttc 420
	ttatgtttat aatcagttca atgctgggtt atggagcaat ttcttatcaa gtgggttggc 480
	tgattccatt cttctgttac cgacttttg acttcgtcct cagttgcctg gttgttatt 540
	gttctctcac ctatggcca agaatcaaag aatatctgga tcaactaccc gatttccct 600
35	acaaagatga cctcctggcc ttggactcca gtcgcctcgtt gtcattgtt cttgttct 660
	ttgccttatt catcatttt aaggcttatac taattaactg tgtttggaaac tgctataat 720
	acatcaacaa ccgaaacgtg ccggagattg ctgtgtaccc tgccttggaa gcacccctc 780
	agtagtttt gccaacctat gaaatggccg tggaaatgccc tggaaaagaaa ccaccaccc 840
	cttacttacc tgcctgaaga aattctgcct ttgacaataa atcctataacc agcttttgt 900
40	ttgtttatgt tacagaatgc tgcatttcag ggctcttcaa acttggtag atataaaaata 960
	tgggtggccct ttggtttaa agcaatttat ttccaaaac actaaggag ccttttggaa 1020
	catctggta aacggccccc ttgggtttt t 1051

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1516 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25 15 gttgtcctca tccctctcat acagggtgac caggacgttc ttgagccagt cccgcatgcg 60
 caggggaaag aagatccatg agaaggagaa gcgcctggag gcaggagacc accccgtgga 120
 gctgtggcc cgggacttcg agaagaacta taacatgtac atcttccctg tacactggca 180
 gttcgccag ctggaccagc accccattga cgggtacctc tcccacaccg agctggctcc 240
 actgcgtgct cccctcatcc ccatggagca ttgcaccacc cgcttttcg agacctgtga 300
 20 cctggacaat gacaagtaca tcgcccgttga tgagtggcc ggctgcttcg gcatcaagca 360
 gaaggatatac gacaaggatc ttgtgatcta aatccactcc ttccacagta cgggattctc 420
 tcttaaccc tccccttcgt gttcccccata atgtttaaaaa tggttggatg gtttgggtt 480
 ctgcctggag acaagggtct aacatagatt taagtgaata cattaacggg gctaataatg 540
 aaaattctaa cccaagaaca tgacattctt agctgttaact taactattaa ggcctttcc 600
 25 acacgcatta atagtcccat tttctcttg ccattttgtat ctttgccttgc tgcattttttg 660
 ggcacatggg gtggacacgg atctgctggg ctctgcctta aacacacattt gcagcttcaa 720
 ctttctctt tagtgttctg ttgaaacta atacttaccg agtcagactt tgcatttttgc 780
 tcatttcagg gtctggctg cctgtgggtc tccccaggtt gcctggaggt gggcaagg 840
 aagtaacaga cacacgtgt tgcatttttttggat gttttttggat ctagaggctc agtgggtgg 900
 30 gagatccctg cagaaccac caaccagaac gtgggttgcc tgaggctgtat actgagagaa 960
 agattctggg gctgtgttat gaaaatatacg acatttcac ataagcccaat ttcatcacca 1020
 tttctctt tacctttcag tgcattttctt tttcacatta ggctgttggt tcaaactttt 1080
 gggagcacgg actgtcaattt ctctggaaatg tggtcagcgc atcctgcagg gcttctcc 1140
 ctctgtcttt tggagaacca gggctttctt cagggctctt aggactgccc aggctgtttc 1200
 35 agccaggaag gccaaaatca agagtggatgt gtagaaatgtt gtaaaaataga aaaagtggag 1260
 ttggtaatc ggttgttctt tcctcacattt tggatgattt tcataaggat tttagcatgtt 1320
 tcctctttt ctccaccctc cccttttttc ccccaagaat acagagaaaa ctcaaagtt 1380
 atggggaggg tcggatccta caggcctgag aatcggtcaa ctccaagcat ttcatggaa 1440
 aggccgcttc ctaattaaatc ctacaaaccc ccacccagga tggtgagggg ttccaccaat 1500
 40 tcctccaaaa ataaaaa 1516

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

10	cgccgggact	cttggcgggt	gaaggtgtgt	gtcagcttt	gcgtcaactcg	agccctgggc	60
	gctgcttgc	aaagagccga	gcacgcgggt	ctgtcatcat	gtcgcgttac	gggcggtagc	120
	gaggagaaac	caaggtgtat	gttggtaacc	tgggaactgg	cgctggcaaa	ggagagttag	180
	aaagggctt	cagtattat	ggtcctttaa	gaactgtatg	gattgcgaga	aatcctccag	240
15	gatttgcctt	tgtgaattc	gaagatccta	gagatgcaga	agatgcgacta	cgaggactgg	300
	atggaaaggt	gatttgtggc	tcccggatgt	gggttgaact	atcgacaggc	atgcctcgga	360
	gatcacgtt	tgatagacca	cctggccgac	gtcccttga	tccaaatgtat	agatgtatg	420
	agtgtggcga	aaaggggacat	tatgctttag	attgtcatcg	ttacagccgg	cgaagaagaa	480
20	gcagggtcacg	gtctagatca	cattctcgat	ccagaggaag	gcgataactct	cgctcacgca	540
	gcaggagcag	gggacgaagg	tcaaggtcag	cattctctcg	acgatcaaga	tctatctctc	600
	ttcgttagatc	aagatcagct	tcactcagaa	gatcttaggtc	tggttctata	aaaggatcga	660
	ggtatttcca	atccccgtcg	aggtcaagat	caagatccag	gtctatttca	cgaccaagaa	720
25	gcagccgatc	aaagtccaga	tctccatctc	caaaaagaag	tcgttcccc	tcaggaagtc	780
	ctcgcagaag	tgcaagtctt	gaaagaatgg	actgaagctc	tcaagttcac	cctttaggga	840
	aaagttattt	tgtttacatt	attataaggg	atttgtatg	tctgtaaagt	gtaacctagg	900
	aaagataatt	caaccatcta	atcaaaatgg	atctggatta	ctatgtaaat	tcacagcagt	960
30	aagataatat	aaattttgtt	gaatgtatta	acatcatatg	gtctaaaaat	gtgggttttt	1020
	atttggcaca	ttttaaataaa	atgtttctaa	ctagattttt	gatttgcgtt	caatattaac	1080
	acttcttaat	ttgatataatt	tgagagtcag	acattataat	tgttaacctt	attcatacat	1140
	acctacattc	agaattgaaa	ggtgttgggt	aagtcttcaa	catcactatt	ctatgcataa	1200
35	aacttggcca	ggatcttaag	ggactttgaa	aattccatct	tacccttgc	gctctgggt	1260
	agatgacctg	agtcccttat	gatacagcct	gaatgcata	tgacagatcc	ttaagttac	1320
	taatccgtt	gaagttgggt	tttagtaggt	ttgtatgatc	agtggtaag	caagtaggac	1380
	cactgatgt	tctaaatgag	catgacagga	actaaacgaa	actgataaa	tgtatgaga	1440
40	atagaaactg	atttctggat	gatctttata	ctaattgcag	ctttcaaggct	actagggtgc	1500
	atagtgttaa	tttaggactcc	ccaagatatg	gggagttcta	ctctcaatgg	tcttgtttct	1560
	ttgctttcta	cattagttaa	ccagtttat	acccaaaaat	gcatgttga	ggaattgtct	1620
	gaaattggga	caaaaacacct	tcatgtaaac	cagctttgca	aaattttcca	gcccagatac	1680
45	tcttcatcta	ttcaaatgg	ttgtcttatt	ctgagcaaag	acctgttgc	aatcttcaag	1740
	ctaggtttt	cagttcccaa	ccacaacatt	cttctatttt	gccaggctgg	tgcaaagtaa	1800
	ttaaagatgt	caatcagaaa	tgtcaatgag	actaaagtgg	ttttgtaaat	ctcagctata	1860
	tttagcaaca	ctccatgtag	ctaataattt	ttggtagcat	ctggtagacc	ttagaatgtt	1920
	acatagccag	tagttcttt	attcaaattt	taagtatctt	aagaatagta	gggcagtaac	1980
	agttactttt	gagagtttc	tggtcaagct	tttaccaggc	attctcttagc	cttggtacaa	2040
	aaaaaaaaaa	aacctgctgg	ttgcgcagat	acctaggcct	gtccatttta	tgcatttcag	2100
	caaagtattt	ggatactatt	gcaacttggg	aatactggtc	tgcataaagt	ttattcggta	2160
	gtttgaccgc	tagtatgttg	gaagttattt	ggattgtttt	tggaattttg	actggctgaa	2220
	ttatgggtgg	tataaagtta	tgtgtataac	tggcaggcct	atttatctgt	tgcacttgg	2280
	tagcttaat	tgttctgtat	tatttaaaga	taagttact	caacaataaa	tctgcagaga	2340
	ttgaacaaat	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

55 (1) SEQUENZCHARAKTERISTIK
(A) LÄNGE: 568 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaaatgcg cggagacact gacttcagc gcctcggtc 60
cagcgccatg cgcccccca ggaagttctt ctgtggggga aactggaaga tgaacgggcg120
20 gaagcagagt ctgggggagc tcatcgac tctgaacgcg gccaagggtgc cggccgacac180
cgaggtggtt tggctccccctt ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240
caagattgtt gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactggga300
gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga360
25 gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420
ggcagaggga ctggagtaa tcgcctgcat tggggagaag ctagatgaaa gggaaagctgg480
catcaactgag aatgttgttt tcgagcagac aaaggtcattc gggatgact tgaaggactg540
568 gatcaagttc gtcctggcct gttggcct

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

ctcgggggcc attttgtgaa gagacgaaga ctgagcggtt gtggccgcgt tgccgacctc 60

cagcagcagt cggcttcct acgcagaacc cgggagtagg agactcagaa tcgaatctct 120
 tctccctccc cttcttgta gattttttgc atcttcagct acatttcgg ctttgagaa 180
 aacccatcca tcaaacaacga tggccagcaa cgtaaccaac aagacagatc ctcgcctccat 240
 gaactcccggt gtattcattt ggaatctcaa cactcttgcgt gtcagaagaaat ctgatgtgga 300
 5 ggcaatctt tcgaagttatg gcaaaaattgt gggctgtct gttcataagg gctttgcctt 360
 cgttcagttat gttatgaga gaaatgcccgg ggtctgtta gcaggagagg atggcagaat 420
 gattgctggc caggtttagt atattaacct ggctgcagag ccaaaaatgtaa accgaggaaa 480
 agcagggtgt aaacgatctg cagcggagat gtacggctcc tctttgact tggactatgt 540
 10 ctttcaacgg gactattatg ataggatgtaa cagttaccca gcacgtgtac ctccctcc 600
 tcctatttgc cgggctgttag tgccctcgaa acgtcagcgt gtatcaggaa acacttcacg 660
 aaggggcaaa agtggcttca attctaagag tggacagcgg ggtatcttcca agtctggaaa 720
 gttgaaagga gatgacccctt aggccattaa gaaggagctg acccagataaa aacaaaaagt 780
 ggattcttc ctggaaaacc tggaaaaaat tggaaaggaa cagacaaac aagcagttaga 840
 15 gatgaagaat gataagtctg aagaggagca gaggcagcgt tccgtgaaga aagatgagac 900
 taatgtgaag atggagttctg aggggggtgc agatgactt gtcgaggagg gggacctact 960
 ggatgtatgat gataatgtaa atcggggggta tgaccagctg gagttgatca aggtatgtgaa 1020
 aaaagaggct gaggaggag agatgacag agacagcgc aatggcgagg atgactctta 1080
 agcacatagt ggggtttaga aatcttaccc cattatttctt ttagcttaggc gcttgcataa 1140
 gatcaaattt ttaccaggat cctctccctt agtacccatc gcacatgctc actgttctcc 1200
 20 ccattcctgt cttcccatg ttcatattt catattgtccc cgccctagt cccattttca 1260
 cttcccttga cgcccttagt agtttggta agtcttaccc tggatattttt gcttttaattt 1320
 ttgataccctc ttatgtactt aacaataaaa aggatgtatg tttttatca actgtctcc 1380
 aaataatctc ttgttatgca gggagtacag ttctttcat tcatacataaa gttcagtagt 1440
 tgcttcccta actgcaaaagg caatcttattt tagttgatca gtcgttggaa gcaatgtgaa 1500
 25 gttagaagta tgggtttac accctcacat tagtgcgtt gttggggcag ttcaacaca 1560
 atgtacaat gtatttttgtt gaatgagat tggcatgtca aatgcacccctt ctagaaaaat 1620
 aattagtgtt atagtcttaa gattttttt ctaaagtgtt tactgtgggt tattttgtg 1680
 aacagcctga tggggac ctttttccctt caaaataaac aagtcccttat taaaccaggaa 1740
 30 atttggagaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaa 1775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 509 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
40 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:10

55 caggtcgagt ggcactgctc cagaccagac ttgcgtcgta ctcgtgcgcc tcgcgtcgct 60
 tttccctccgc aaccatgtct gacaaacccg atatggctga gatcgagaaa ttcgataagt 120
 cggaaactgaa gaagacagag acgcaagaga aaaatccact gccttccaaa gaaacgattg 180

5 aacaggagaa gcaaggcaggc gaatcgtaat gaggcgctcg ccgcataat gcactgtaca 240
 ttccacaagc attgcctct tattttactt cttttagctg ttaactttg taagatgcaa 300
 agagttgga tcaagttaa atgactgtgc tgcccttcc acatcaaagg gactacttga 360
 acaacggaag ggccgcggcc tacctttccc atctgtctat ctatctggct ggcagggaa 420
 ggaagagttg caggttggtg aggaagaagt ggggtggaag aagttggatg ggccggcagt 480
 aaaacttggg taaaccgaac ttggccaag 509

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2191Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

35 actgagcgag ggccagccgt gccgcatactca caccgagcgc tggcgctccg gccttcgctg 60
 ccagccgtcg cccgacgagg cgcgaccgct gcaggcgctg ctggacggcc gcgggctctg 120
 cgtcaacgct agtgcctca gcccctcgcg cgcctacctg ctgccagcgc cgcctaccc 180
 agggaaatgtc agtgagtcgg aggaagaccc cagcggccggc agtgtggaga gcccgtccgt 240
 ctccagcactg caccgggtgt ctgatcccaa gttccacccc ctccattcaa agataatcat 300
 catcaagaaa gggcatgcta aagacagccca ggcgtacaaa gttgactacg agtctcagag 360
 cacagatacc cagaacttct cctccgagtc caagcgggag acagaatatg gtccctgccc 420
 tagagaaatg gaagacacac tgaatcacct gaagttcctc aatgtgtcga gtcccagggg 480
 40 tgtacacatt cccaaactgtg acaagaaggg attttataag aaaaaggcagt gtcgccttc 540
 caaaggcagg aagcggggct tctgctgggt tgggataag tatgggcagc ctctcccaagg 600
 ctacaccacc aaggggaaagg agacgtgca ctgctacagc atgcagagca agtagacgcc 660
 tgccgcaagg ttaatgtgga gctcaaataat gccttatttt gcacaaaaga ctgccaagga 720
 catgaccagc agctggctac agcctcgatt tatattctg ttgtggta actgattttt 780
 45 tttaaaccaa agtttagaaa gaggttttg aaatgcctat gtttctttg aatggtaaac 840
 ttgagcatct tttcacttgc cagtagtcag caaagagcag ttgaatttt ctgtcgctt 900
 cctatcaaaa tattcagaga ctcgagcaca gcaccacagc ttcatgcgcc cgtggaatgc 960
 tcaccacatg ttggtcgaag cgcccgacca ctgactttgt gacttagggc gctgtgtgc 1020
 ctatgttagag aacacgcttc acccccactc cccgtacagt ggcacagggc ttatcgagaa 1080
 50 atagaaaaac ctttaaacc cgtcataccg gacatccaa cgcatactcc tggagctcac 1140
 agcttctgt ggtgtcattt ctgaaaacaag ggcgtggatc cctcaacccaa gaagaatgtt 1200
 tatgtctca agtgcactgt actgcttggg gactattggaa gaaaataagg tggagtccta 1260
 cttgtttaaa aaatatgtat ctaagaatgt tctagggcac tctggaaacc tataaaggca 1320
 ggtatccgg gcccctct tcaggaatct tcctgaagac atggcccagt cgaaggccca 1380
 55 ggatggctt tgctcgccg cctgtgggtt ggagggacag agagacaggg agagtcagcc 1440
 tccacattca gaggcatcac aagtaatggc acaattttc ggatgactgc agaaaatagt 1500
 ttttttagt tcaacaactc aagacgaagc ttatttctga ggataagctc tttaaaggca 1560

aagctttatt ttcatctctc atctttgtc ctccttagca caatgtaaaa aagaatagta1620
 atatcagaac aggaaggagg aatggctgc tggggagccc atccaggaca ctgggagcac1680
 atagagattc acccatgtt gttgaactta gagtcattct catgctttc tttataattc1740
 acacatatac gcagagaaga tatgttcttg ttaacattgt atacaacata gccccaaata1800
 5 tagtaagatc tatacttagat aatccttagat gaaatgttag agatgtata tgatacaact1860
 gtggccatga ctgagggaaag gagctcacgc ccagagactg ggctgctctc ccggaggcc1920
 aacccaagaa ggtctggcaa agtcaggctc agggagactc tggctgtctc cagacctcgg1980
 tgtggacaca cgctgcatac agtctcctt gaaaacagag gggctcaag acattctgcc2040
 tacctattag ctttcttta ttttttaac ttttggggg gaaaagtatt tttgagaagt2100
 10 ttgtcttgca atgtattttaaat aatagtaaa taaagttttt accattaaaa aaaaaaggag2160
 taaaaagaaa aaaaaggcg gcccggact a 2191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1769 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

attatttaca tttcaaaaata attcccccta atcggtttac tcctaagttc attaccattg 60
 ttggcccacc ttaggttcca ccacttgggtt gttaccccaag ccctgggttc aaacaggac 120
 40 atggcaaggg gacacaggac agaggggtcc ccagctgcca cctcaccac cgcaattcat 180
 ttagtagcag gcacaggggc agctccggca cggcttctc aggcttatgc cggagcctcg 240
 agggctggag agcggaaaga caggcagtgc tcggggagtt gcagcaggac gtcaccagga 300
 gggcgaacgg ccacggggagg ggggccccgg gacattgcgc agcaaggagg ctgcaggggc 360
 tcggcctgcg ggcgcggc ccacaggca ctgcggccca gggcttgggt cggagagggc 420
 45 ccacagtggc cttggtgacg ctgtatgccc tcaccgctca gcccctgggg ctggcttggc 480
 agacagtaca gcatccaggg gagtcaaggg catggggcga gaccagacta ggcgaggcgg 540
 gcggggcggc gtgaatgagc tctcaggagg gaggatgggt caggcagggg tgaggagcgc 600
 aggggggcggc gagcggggagg cactggcctc cagagccgt ggccaaggcg ggcctcgcgg 660
 50 gcgccgacgg agccgggatc ggtgcctcag cttcggtggc ggagacgagg ccaggtctcc 720
 agctggggtg gacgtgccc ccagctggc aaggcaagac gccaggtccg gtggacgtga 780
 caagcaggac atgacatggt ccgggtgtgac ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt 840
 cctgaacacc ttaggctggt ggggctgcgg caagaagcg gtctgtttct ttacttcctc 900
 cacggagtcg gcacactatg gctgcctctc gggctcccg aaccacaaac atgaaagaaa 960
 tggtgctacc cagctcaagc ctgggcctt gaatccggac aaaaaaccct ctagcttggal020
 55 aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacactgac ttaggaatcg gctctggaaal080
 gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa agacaccatc ggaacagcag1140
 cgcccgacg acccaccaccc caccggcgcac tccatcttca tggccacccc ctgcggcggal200

5 cggtgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct cctccagcgg gatgacgccc1260
 tccccaccac ctcccttcc ttcttttca tccttctgtc tctttgtttc tgagcttcc1320
 tgtcttcct ttttcttag agattcaaag cctccacgac tctgtttccc ccgtcccttc1380
 tgaatttaat ttgcactaag tcatttgcac tggttggagt tgtggagacg gccttggatc1440
 tcagtagcag tggcggttag tggagccac cttggcaagt gctgtgcag ggcggccg1500
 ccctccatct gggccgggtg actggggcgc ggctgtgtc ccgaggccctc accctggcc1560
 cgcctagtct ggaagctccg accgacatca cggagcagcc ttcaaggcatt ccattacgccc1620
 ccatctcgct ctgtgccccct cccaccagg gcttcagcag gagccctgga ctcatcatca1680
 ataaacactg ttacagcaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1740
 10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1769

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

15 **(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 1026 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 **(ii) MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 **(iii) ANTI-SENSE:** NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 **(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13**

40 aaaaagctgtc cgcgcgaaaa gcccaggccc agctttgggg ttgtccctgg acttgtcttg 60
 gttccagaac ctgacgaccc ggcgacggcg acgtctctt tgactaaaag acagtgtcca 120
 gtgtccagc ctaggagtct acggggaccg cctcccgccg cgcaccatg cccaaactct 180
 ctggcaactg gaaaatcatc cgatcgaaaa acttcgagga attgctcaaa gtgctgggg 240
 tgaatgttat gctgagaaag attgctgtgg ctgcagcgtc caagccagca gtggagatca 300
 aacaggaggg agacactttc tacatcaaaa cctccaccac cgtgcgcacc acagagatta 360
 actcaagggt tggggaggag tttgaggagc agactgtgga tgggaggccc tgtaagagcc 420
 tggtaaatg ggagagttag aataaaaatgg tctgtgagca gaagctcctg aaggagagg 480
 45 gccccaaagac ctcgtgacc agagaactga ccaacatgg gaaactgatc ctgaccatga 540
 cggcgatga cgttgtgtc accagggtct acgtccgaga gtgagtgccc acaggtagaa 600
 cccggccgaa agccccaccac tggccatgtc caccggccctg cttcaactgcc ccctccgtcc 660
 caccggccctcc ttcttagata ggcgtccccct taccccgatc acttctgggg gtcactggga 720
 50 tgccctttgc agggcttgc ttcttttgc ctcttcttc cttccctaca ccaacaaaga 780
 ggaatggctg caagagccca gatcaccat tccgggttca ctcccccgcct ccccaagtca 840
 gcaagtcttag ccccaaaccac gcccagagca gggtctctct aaaggggact tgagggcctg 900
 agcagggaaag actggccctc tagcttctac ctttgccttcc tggtagcctat acagtttaga 960
 atatttattt gttatatttta ttaaaaatgtc ttaaaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1020
 aaaaaaa 1026

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 (A) LÄNGE: 676 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

25 ggccattttg tgaagagacg aagactgagc gtttgccgc gcgttgccga cttccagcag 60
cagtcggctt ctctacgcag aaccggag taggagactc agaatcgaat ctctctcc120
tcccttctt gggcagcaag gcaacccca tccctactca ctggagctca gcttgattt180
ttaacctccc ttccccaccc ttccagaaca cacacattcc attccaaaac tgattttata240
aagacatttt aaacataatg atgcaacttg gtgtgcacta cagcaaatgt acaggtgtt300
30 ttttttaat ttttccaaa accgggaccc ggatttaaga tgtaatttt aaaatttcta360
tttctatttt ttcggcagca gttgggttag aggaggagga gccttttagc ctcccaaaaa420
ctgacctctc tactccctcg ttttttttta agattgattt atgatgtgaa aagggtttt480
cttgtctgct actgaaaact ttatccttgc gtttttgc gaaactgcgtt tggaaagaga540
aaagaaaatga actttactga cttgacattt tgacactccc gttttcgaa tctgggcaat600
35 tttatatttg gttttacagt gagagttttt gatctcagca cagaagtaat ccaattttt660
tttagcatttt ccgact 676

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

10 cggtctcgagc agctcgagcg gctcaaacac ctcattgac cttgccagct gaccttcaaa 60
 ccctgcattt gaaccgacca acattaagtc cagagagtaa acttgaatgg aataacgaca 120
 ttccagaagt taatcatttg aattctgaac actggagaaa aaccgaaaaa tggacggggc 180
 atgaagagac taatcatctg gaaaccgatt tcagtggcga tggcatgaca gagctagagc 240
 tcgggccccag ccccgaggctg cagcccatc gcaggcaccc gaaagaactt ccccaagtatg 300
 15 gtggtcctgg aaaggacatt tttgaagatc aactatatct tcctgtgcat tccgatggaa 360
 tttcagttca tcagatgttc accatggcca ccgcagaaca ccgaagtaat tccagcatag 420
 cgggaaagat gttgaccaag gtggagaaga atcacgaaaa ggagaagtca cagcacctag 480
 aaggcagcgc ctccctctca ctccctctg attagatgaa actgttaccc taccctaaac 540
 acagtatttc ttttaactt ttttatttgt aaactaataa aggtaatcac agccaccaac 600
 20 attccaagct accctgggta cctttgtgca gtagaagcta gtgagcatgt gagcaagcgg 660
 tgtgcacacg gagactcattc gttataattt actatctgcc aagagtagaa agaaaggctg 720
 gggatatttg ggttggcttg gtttgattt tttgctgtt tgttgtttt gtactaaaac 780
 agtattatct tttgaatatc gttagggacat aagtatatac atgttatcca atcaagatgg 840
 25 ctagaatggt gcctttctga gtgtctaaaa cttgacaccc ctggtaaattc tttcaacaca 900
 ctcccaactgc ctgcgtaatg aagttttgat tcattttaa ccactggaat ttttcaatgc 960
 cgtcattttc agttagatga tttgcactt tgagattaaa atgccatgtc tatttgattat 1020
 gtcttatttt tttatttta caggcttatac agtctcactg ttggctgtca ttgtgacaaa 1080
 gtcaaataaa ccccaagga cgacacacag tatggatcac atattgtttg acattaagct 1140
 tttgcccagaa aatgttgcat gtgttttacc tcgacttgct aaaatcgatt agcagaaaagg 1200
 30 catggctaat aatgttggtg gtgaaaataa ataaataagt aaacaaaaaag aaaa 1254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 537 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 50 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

5 ggcccgggcc cccaccctcg acatgcgctt ccggcgacgc ctttagcgctg acccccacgc 60
 aaccaggcga aactccgcgg aggccgcgcgg cacatggac ggtcggtgc agctgatgaal20
 ggcctcctg gccgggcccc tccggcccgcc ggcgcgtcgc tgaggaacc cgattccctt180
 tcccggacg tttgacggag ataccgaccg actcccgag ttcatcggtgc agacgtgctc240
 10 ctacatgttc gtggacgaga acacgttctc caacgacgccc ctgaagggtga cgttcctcat300
 caccggcctc acggggccag ccctgcagtg ggtgatcccc tacatcagga aggagagccc360
 cctgctcaat gattaccggg gcttctggc cgagatgaag cgagtctttg gatgggagga420
 ggacgaggac ttcttagggc ggagaccctc gggcctggg ggggtgtctc tggaaagagt480
 tcgctgtgcc agtggccacc gctagggtct ccacaggcgc cctccccagg gaatgct 537

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15 (A) LÄNGE: 823 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

35 tagactgaac aggaggggga gtcctggta gcgcgcggc ctaaatcggtt acttggcgga 60
 aagttcccat gagtctttgc cagcgtcccc ctcctttgt gaggattggg atattccgac120
 tccttaaggg cctggcgcac ataagggtgt acctttcat tcccgttgtt atggaggggcc180
 acatctgcca gagcctggag tctgcgaagg ccgggacccg gttcccccggc ccacagtggg240
 40 ggtgtcaaa cccgagagaa ctgggttgca aattcgtgaa gaatcagcat catgtttggc300
 agctgagttat tggagccagg agcctgccc gaggtttga gaacagagtg ctgttttaga360
 gctggcagca gcatctcagc ccaagagaag gttatattcc cagaggatgt cagtcccaag420
 gaccagtagc tgccatcagt ttggattctg aaaactaact ggcataaca ctgggtgttag480
 aaacatgctt gccttatgtt tcagaggaca tgctcagcag atccaagaga tataatttggc540
 45 aactttttctt agaaaaggca cattgggtat cattcattac attcttgagg tttttttggg600
 tttttttttt ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggga gtgtgggtggc660
 acaatcacag ctcattgcat cctcaatcac ccagggccta agcaatcctc ccaccttgtat720
 gctgggacta cagctcacag cacaccggc taaaattttt ttttggtag acggtttttc780
 tatgttgccc gggtgggttt cagggtccgg ggttcagatg gtc 823

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1082 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

20 gggcgcacat aagggtgtgac ctttcattc ccgttggat ggagggccac atctgccaga 60
gcctggagtc tgcgaaggcc gggacccggc tccccggccc acagtgggg tttgcaaaacc 120
cgagagaact ggtcgctgaa acctctacaa cttagttgac cgttaactgccc agagccctgc 180
cctgaattcc tgccttact ccctctttaa gattgctgtac coactgcaga gtgctgaaga 240
cggggtagcc acgaggtgtc aaattcgtga agaatcagca tcatgtttgg cagcttagta 300
25 ttggagccag gaggcctgcca tgagggtttt agaacagagt gttgttttag agctggcagc 360
agcatctcag cccaaagagaa gtttatattc ccagaggatg tcaatcccaa ggaccaggtag 420
ctgccccatcag ttggattct gaaaactaac tggcatcaac actgggtgtaa gaaacatgct 480
tgccttatgt atcagaggac atgctcagca gatccaagag atatatttgg caacttttc 540
tagaaaaggc acattgggtta tcattcatta cattctttagg tttttttggg tttttttttt 600
30 ttttttttga gacagtcttgc tggatatttgc caggctggag tttttttggca caatcacagc 660
tcatttgcattc ctcacatcacc caggcctaag caatccccc acctttagc tggactaca 720
gctcacagca cacctggcta aaattttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 780
ggctggcttc aggctctgg gctcagatgg tccctctggcc tcaatccca aaggcacagg 840
35 ccaagttgtt gctttgtccc ttggccatcat gcccaacaag aggttctata ccttttaatg 900
aattgacttt cataaattgg ttatgttggg gggcaagtcc tttaagctgg aaattgtaaa 960
ttccctctgtt aatgtttttt catgcagttt ccatgaacta atactacaat aaaggatgg 1020
cttgggtgtc aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa 1080
aa 1082

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

10 cccattccat agggaatgag ctgggctgtc ctttctcccc acgttcaccc tcacttcgtt 60
 agagagcagt gttcacatgc cacaccacaa gatccccaca atgacataac tccattcaga 120
 gactggcggtg actgggctgg gtctcccccac cccccccttc agctcttgc tcactcagaa 180
 tctggcagcc agttccgtcc tgacagagtt cacagcatat attgggtggat tcttgcatt 240
 agtgcacatcg ctttaagaat taacgaaagc agtgtcaaga cagtaaggat tcaaaccatt 300
 15 tgccaaaaat gagtctaagt gcatttactc ttttcctggc attgattggg ggtaccagt 360
 gccagtacta tgattatgat tttcccttat caatttatgg gcaatcatca ccaaactgtg 420
 caccagaatg taactgcctt gaaagctacc caagtgccat gtactgtgat gagctgaaat 480
 taaaaagtgt accaatggtg cctcctggaa tcaagtatct ttaccttagg aataaccaga 540
 ttgaccatat tgatgaaaag gccttggaga atgtaactga tctgcagtgg ctcatcttag 600
 20 atcacaacct tctagaaaac tccaaagataa aaggggaggt tttctctaa ttgaaaacaac 660
 tgaagaagct gcatataaaac cacaacaacc tgacagagtc tggggccca cttccaaat 720
 ctctggagga tctgcagctt actcataaca agatcacaaa gctgggctct tttgaaggat 780
 tggtaaacct gaccttcatc catctccagc acaatcggct gaaagaggat gctgtttcag 840
 25 ctgctttaa aggtcttaaa tcaactcgaat accttgactt gagcttcaat cagatagcca 900
 gactgccttc tggctccct gtctctcttc taactctcta cttagacaac aataagatca 960
 gcaacatcccc tgatgagttt ttcacgcgtt ttaatgcatt gcagttatctg cgtttatctc1020
 acaacgaact ggctgatagt ggaatacctg gaaattcttt caatgtgtca tccctgggtg1080
 agctggatct gtcctataac aagcttaaaa acataccaac tgtcaatgaa aaccttggaa1140
 30 actattacct ggaggtcaat caacttgaga agtttgacat aaagagcttc tgcaagatcc1200
 tggggccatt atcctactcc aagatcaagc atttgcgtt ggatggcaat cgcatctcag1260
 aaaccagtct tccaccggat atgtatgaat gtctacgtgt tgctaacgaa gtcactctt1320
 attaatatct gtatcctgga acaatatttt atggttatgt ttttctgtgt gtcagtttc1380
 atagtatcca tatttttatta ctgtttatta cttccatgaa ttttaaaatc tgagggaaat1440
 35 gtttgtaaa catttatttt tttttaaagg aaaaggatgg aaaggccagg gcctaatttc1500
 catccaccaa ggaacacaccc acattattcc acggaatagg ccatcgaa 1548

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 844 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

5 acctgcagag gggccatac ggcgttggc tggattcccg tcttaactta aaggaaatt 60
 ttcacaatgt ccggagccct tggatgtccctg caaatgaagg aggaggatgt ccttaagttc120
 cttgcagcag gaacccactt aggtggcacc aatcttgcact tccagatggc acgtacatc180
 tataaaagga aaagtgtatgg cacttataatc ataaatctca agaggacctg ggagaagctt240
 10 ctgcgtggcag ctcgtgcaat tggccatt gaaaacccctg ctgtatgtca tggttatatcc300
 tccaggaata ctggccagag ggctgtgtcg aagtttgcgtc ctgcactgg agccactcca360
 attgctggcc gcttcactcc tggAACCTC actaaccaga tccaggcagc cttccggag420
 ccacggcttc ttgtggttac tgaccccagg gctgaccacc agcctctcac ggaggcatct480
 tatgttaacc tacctaccat tgcgtgtgt aacacagatt ctccctcgcc ctatgtggac540
 15 attgcaatcc catgcaacaa caaggtatg atttttaggat cttagatttt tgaatgcgtg600
 ctctagaaaa aacattctcg tgcacattgt tagagcttgg agttgaggct actgactggc660
 cgatgaactc gcaagtgttag gtatgtgtgt acatgggggg caagtttcg ctaacaccac720
 aagggtctct ggcccaatga gtggagttt atagtaattc ttgctacaag tataacatta780
 ctgcgtgaca gctttgttgg aaaaatgaaaaa catttggaaa atagtgtgtt ctctgccttg840
 20 tcca 844

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 862 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

45 gagcaagaga gaaggaggcc cagacagtga gggcaggagg gagagaagg acgcagaagg 60
 agagcgacg agagagaaag gttctggat tgggggggg agcaaggagg ggagaaggc120
 ggtgagagag gcgggggcct cgggagggtt aaagggggga ggagaagggc gggcacgg180
 ggcccggcgg agggacaaga ctccgactcc agctctgact ttttcgcgg ctctcggtt240
 50 ccactgcagc catgtcaactc ctcttgcgtgg tggtctcagc cttcacatc ctcatttta300
 tactgcttt cgtggccact ttggacaagt cctgggtggac tctccctggg aaagagtccc360
 tgaatctctg gtacgactgc acgtggaaaca acgacaccaa aacatggggc tgcagtaatg420
 tcagcgagaa tggctggctg aaggcggtgc aggtctctcat ggtgtctcc ctcattctct480
 55 gctgtctctc cttcatctcg ttcatgttcc agctctacac catgcgacga ggaggctct540
 tctatgccac cggcctctgc cagcttgcg ccagcgtggc ggtgtttact ggcgccttga600

5 tctatgccat tcacgcccag gagatcctgg agaagcaccc gcgagggggc agcttcggat660
 actgcttcgc cctggcctgg gtggccttcc ccctcgccct ggtcagcggc atcatctaca720
 tccacctacg gaagcgggag tgagcgcccc gcctcgctcg gctgcccccg cccctcccg780
 gccccctcg ccgcgcgtcc tccaaaaaaat aaaaccttaa ccgcggggaa aaaaaaaaaa840
 aaaaaggaag gaaaaaaaaa aa 862

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 546 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:22

35 cccagccaag ggtccttcag gtagggaggtc ctgggtgact ttggaagtcc gtagtgtctc 60
 attcgcagata attttagct tagggcctgg tggctaggc gttctctcc tttccagtcg120
 gagacctctg ccgcaaaacat gctccgccaag atcatcggtc aggccaagaa gcatccgagc180
 ttgatcccccc tctttgtatt tatttggaaact ggagctactg gagcaacact gtagatctttg240
 cgtctggcat tggcaatcc agatgtttgt tgggacagaaa ataacccaga gcccggaaac300
 aaactgggtc ccaatgtatca atacaaggttc tactcagtga atgtggatca cagcaagctg360
 aagaaggaac gtccagattt ctaaatgaaa tggtttacta taacgctgt tttagaatgaa420
 ggtcttccag aagccacatc cgccacaattt tccacttaac cagggaaatat ttctcccttt480
 40 aaatgaatga aatcaatggt gggggcgct attggaagcc ctattgggt tcaagtgttg540
 aataaa 546

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1591 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

15	gccgaggagc cgagccccgc accccccccgc ccgccccccgc ccgccatggg ctgcctcggg	60
	aacagtaaga ccgaggacca gcgcacgag gagaaggcgc aggtgaggcc aacaaaaaga	120
	tcgagaagca gctgcagaag gacaagcagg tctaccggc cacgcaccgc ctgctgctgc	180
	tgggtgctgg agaatctgg aaaaagcacca ttgtgaagca gatgaggatc ctgcatgtta	240
	atgggtttaa tggagacagt gagaaggcaa ccaaagtgcg ggacatcaaa aacaacactga	300
	aagaggcgat tgaaaaccatt gtggccgcca tgagcaacct ggtgcccccc gtggagctgg	360
20	ccaaacccga gaaccagttc agagtggact acattctgag tttgtatgaaac gtgcctgact	420
	ttgacttccc tccccgattc tatgagcatg ccaaggctct gtgggaggat gaaggagtgc	480
	gtgcctgcta cgaacgctcc aacgagttacc agctgattga ctgtgcccag tacttcctgg	540
	acaagatcga cgtgatcaag caggctgact atgtgccgag cgatcaggac ctgcttcgct	600
	gccgtgtcct gacttctgga atctttgaga ccaagttcca ggtggacaaa gtcaacttcc	660
25	acatgtttga cgtgggtggc cagcgcgtat aacgcccaca gtggatccag tgcttcaacg	720
	atgtgactgc catcatcttc gtgggtggca gcagcagcta caacatggc atccgggagg	780
	acaaccagac caaccgcctg caggaggctc tgaaccttca caagagcatc tggaaacaaca	840
	gatggctgcg caccatctt ctgtatccctgt tcctcaacaa gcaagatctg ctcgctgaga	900
	aagtccctgc tggaaatcg aagattgagg actacttcc agaatttgct cgctacacta	960
30	ctcctgagga tgctactccc gagcccgagg aggaccacg cgtgaccacgg gccaagtact	1020
	tcattcgaga tggatttctg agatcagca ctgcccgtt agatgggcgt cactactgct	1080
	acacctcatt cacctgcgtt gtggacactg agaacatccg ccgtgtgttc aacgactgccc	1140
	gtgacatcat tcagcgcgtt cacccctgtt agtacgagct gctctaagaa gggaaacccccc	1200
	aaatttaatt aaagccttaa gcacaattaa taaaatgtt aacgtatgg tacaagcagt	1260
35	taatcaccctt ccataggcgtt tgatcaaa agcaacctt ccctcccccc gagtgat	1320
	gcgaaacccc cttttccctt cagcttgcgtt agatgttcca aatttagaaa gcttaaggcgt	1380
	gcctacagaa aaaggaaaaa agccacaaa agttccctct cactttcagt aaaaataaaat	1440
	aaaacacgca cagcaacaa ataaaatgaa ataaaagaaa caaatgaaat aaatattgtg	1500
	ttgtgcagca tttttttttt tccaaataaa aatcaaatgt gagcaagaa aaaaaaaaaa	1560
40	ggcaaaaggaa gaaagaagaa aaggggggggg g	1591

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 441 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

10  ggcaggcaga tacgttcgtc agcttgctcc tttctgcccc tggacgccgc cgaagaagca 60
    tcgttaaagt ctctcttcac cctgccgtca tgtctaagtc agagtcctt aaagagcccg120
    aacagctgag gaagctcttc attggagggt tgagctttga aacaactgat gagagcctgaa180
    ggagccatt tgagcaatgg ggaacgctca cgactgtgt ggttaatgaga gatccaaaca240
    ccaagcgctc caggggcttt gggtttgtca catatgccac tggaggag gtggatgcag300
    ctatgaatgc aaggccacac aaggtggatg gaagagttgt ggaaccaaag agagctgttt360
    cagagaagat ttgaaaagcc aggtgcact tacctgtgaa aaggtatttgc ttggatggatt420
    aqqqaqcact tgagacatca c 441

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1131 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

45	cgggaggtga	aatccggttc	taaccggtcc	ggggctccca	gcgcataaaa	aactttataaa	60
	accggggccga	gcccggagca	tgtgaagaag	aggcgagaac	gaccggggaa	ccgaccggaa	120
	cccgccggcc	gctgcattcc	gcgtccagca	cctacgtccc	gctgcccgtc	ccggccggcc	180
	catggccaaag	agaaaggctg	aaggggatgc	taagggagat	aaagcaaagg	tgaaggacgg	240
	accacagaga	agatccgcga	ggttgtctgc	taaacctgct	cctccaaagc	cagagcccaa	300
	gcctaaaaaaag	gccccctgcaa	agaagggaga	gaaggtaccc	aaagggaaaa	agggaaaaggc	360
	tgatgctggc	aaggagggga	ataaccctgc	agaaaaatgg	gatgccaaaa	cagaccaggc	420
50	acagaaaagct	gaagggtctg	gagatgccaa	gtgaagtgt	tgcatttttg	ataactgtgt	480
	acttctggtg	actgtacagt	ttgaaatact	attttttatac	aagttttata	aaaatgcaga	540
	attttggttt	actttttttt	tttttttaaa	agctatgtt	ttagcacaca	gaacacttca	600
	tttgtgtttt	tgggggaagg	ggcatatgtc	actaatagaa	tgtctccaaa	gctggatttg	660
	tgtggagaaaa	acacctttcc	cttctagttt	tgagagactt	cctcttggct	cccaggaggg	720

5 gggattccct gactttgaca cacatggcca ccttggcaca aaaggcttgt ggtatagaaa 780
 aacaaatgg ttttatgtc ctcttctccc tttccatctt tcagcataga cttaaactccc 840
 ttaagcccag acatctgtt agacctgacc cctagtcatt ggttaccagt gtgtcaggca 900
 atctggactt tccagtgtc ccactgagat ggcacctgtc aaaagagcag tggttccatt 960
 tctagattgt ggatcttcag ataaaattctg ccattttcat ttcaacttcct gaaagtcaagg 1020
 gtcggcttgtt gaaaagtgt taaaacaacat gctaaatgtg aaatgtcaac cctcactctaa 1080
 aaactttcc ctgggtcaga ggatccgatg gaggacttca attgggggtt t 1131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

35 gtaccctcaa agacagagac accaagaaga atcggaaacat acaggctttg atatcaaagg 60
 tttataaagc caatatctgg gaaagagaaa accgtgagac ttccagatct tctctggta 120
 agtgttgtt cctgcaacga tcacgaacat gaacatcaaa gatcgccat gaaaagggtc 180
 cctctgtcg ctgctgggt caaacctgct cctgtgccc agcgtggccc cttgcccatt 240
 ctgtcccgcc ggggctgccc gatgccaggat gacccttcga gacctgtttg accgcgcccgt 300
 cgtctgtcc cactacatcc ataacctctc ctcagaaatg ttcagcgaat tcgataaaacg 360
 gtatacccat gggcggggt tcattaccaa ggccatcaac agctgccaca cttctccct 420
 40 tgccacccccc gaagacaagg agcaagccca acagatgaat caaaaagact ttctgagcct 480
 gatagtcgc atattgcgt cctggaatga gcctctgtat catctggta cggaaagtacg 540
 tggatgc当地 gaagccccgg aggtatccat atccaaagct gtagagatgg aggagcaaac 600
 caaacggctt cttagggca tgtagctgat agtcagccag gttcatccctg aaaccaaaga 660
 aaatgagatc taccctgtct ggtcgggact tccatccctg cagatggctg atgaagagtc 720
 45 tcgcctttct gcttattata acctgctcca ctgcctacgc agggattcac ataaaatcga 780
 caattatctc aagctcctga agtgcggaaat catccacaaac aacaactgt aagcccacat 840
 ccatttcatac tatttctgag aaggctctt atgatccgtt ccattgcaag cttcttttag 900
 ttgtatctct tttgaatcca tgcttgggtg taacaggctt cctcttaaaa aataaaaaact 960
 gactccttag agacatcaaa atctaaaaaa acttaatggg ccgggcgcag tggctcatgg 1020
 50 ctgtggtccc ggcactttgg gaggccgagg caggcggatc aggaggtcag g 1071

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 896 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

20 gtgaccggct cagaccggtt ctggagacaa aaggggccgc ggcggccgga gcgggacggg 60
 cccggcgccgg gagggagcga agagcgcggg cagcgcgcga gatgcagcac cgaggcttcc120
 tcctcctcac cctcctcgcc ctgctggcgc tcacccgcg gtcgcacaaa aagaaagata180
 aggtgaagaa gggcgccccg gggagcgcgt ggcgcgtggg ggcctggggg ccctgcaccc240
 25 ccagcagcaa ggattgcggc gtgggtttcc gcgaggccac ctgcggggcc cagacccagc300
 gcatcccggtg cagggtgccc tgcactggaa agaaggagtt tggagccgac tgcaagtaca360
 agtttgagaa ctggggtgcg tgcgtatgggg gcacaggcac caaagtccgc caaggcaccc420
 tgaagaaggc ggcgtacaat gtcgtgcgc aggagaccat cgcgtcacc aagccctgca480
 ccccaagac caaagcaaag gccaaagccaa agaaaggaa gggaaaggac tagacgcca540
 30 gcctggatgc caaggagccc ctgggtgtcac atggggcctg gcccacgc tccctctccc600
 aggcccgaga tgcgtccac atgtgccttc tgcgtctcg ttagctttaa tcaatcatgc660
 cctgccttgt ccctctcaat ccccaagcccc accccctaagt gcccaaaagt gggagggaca720
 agggattctg ggaagcttga gcctccccca aagcaatgtg agtcccagag cccgtttg780
 ttcttccccca caattccatt actaagaaac acatcaaata aactgacttt ttccccccaa840
 35 aaaaagctct tcttttttaa tataaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa aagaaa 896

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1050 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

ttttcatttt tttttttttt tttttcttag ttcaagttta atacaaacta caaaagatta 60
 atgggttgc ctactaatac atcatacataaa ccagtagcct gcccacaacg ccaactcagg 120
 ccattcctac caaaggaaga aaggctggtc tctccacccc ctgttaggaaa ggctgcctt 180
 10 gtaagacacc acaattcggc tgaatctgaa gtcttgcgtt ttactaatgg aaaaaaaaaa 240
 tacagaagag gttttgttct catggctgcc caccgcagcc tggactaa acagcccagc 300
 gctacttct gcttggagaa atattcttg ctcttttggc catcaggctt gatggtatca 360
 ctgccaggtt tccagccagc tgggcacact tccccatgtt tgcgtgaa ctggaaaggcc 420
 tgaactagtc tcaaagtctc atccacagag cggccaacag ggaggtcatt tacagtgatc 480
 15 tgccgaagaa tacccttatac atcaatgata aaaaggcccc tgaacgagat gccttcatca 540
 gccttaaga cccccataatc ctgagcaatg gtgcgcctcg ggtctgatac caaaggaatg 600
 ttcatgggtc ccagtcctcc ttgtttctta ggtgtattga cccatgctag atgacagaag 660
 tgagaatcca cagaagcacc aatcaacttgg cagttgagtt tcttaaattt ttctgccccta 720
 tcactgaaag caatgatctc cgtggggcac acaaagggtga agtcaagagg gtaaaaagaag 780
 20 aacacaacat attttcctt gtagtcagac aggctgatat cttaaactg accatctggc 840
 ataacagctg tggcttggaa gttgggggca gggtgcccaa tttagcatt tcctgaagac 900
 atttcctat cagcagtc ccc aacacaagtc gcagaaacta accaccgaca ccagcaaga 960
 acaagacgctg caagagctct ccggggcgct gccttatacg ccagtaggga tctcgccacal020
 gtccgaacgg acgggggtgc cgagtagga 1050

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

50 caggcttcct tctggcaaca ggcgtgggtc acgctctcgc tcggtcttc tgccgccatc 60
 ttgggtccgc gttccctgca caaaatgccc ggcgaacacc agaaaccgtc cctgctacagl120
 agcaggagtt gccgcagccc caggctgaga cagggtctgg aacagaatct gacagtgtg180
 aatcaagtacc agagcttggaa gaacaggatt ccacccagcc aaccacacaa caagcccagc240
 tggcggcagc agctgaaatc gatgaagaac cagtcagtaa agcaaaaacag agtcggagtg300
 55 aaaagaaggc acggaaggct atgtccaaac tgggtctcg gcaggttaca ggagttacta360

5
gagtcactat ccgaaatct aagaatatcc tcttgcata cacaacca gttgttaca 420
agagccctgc ttcatatacg tacatagtt ttggggaaagc cagatcgaag attatccag 480
caagcacaac tagcagctgc tgagaagtca agttcaggtg aactgtctca acgttcagga 540
aaccggc ttccactgta gaggggaggt aaggggaggg t 581

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 264 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

30 gggactatgt tgtgacgtcg cggaaagaat ttgtgtgggg actgtggca gtgaatgcgt 60
tggaaacaat atggaaaact gggagctgcc ctcagttct ccccaagttg gactcacttt 120
cgggtgtcc caaaaggctcg attccaggcc ctgctagccc gaccccggtg acgcctccac 180
ccgcgcctgg ccccagcctt caccgcgtat cgccgccttc cggggcacac cctccgcccag 240
35 aaaacagccg gcgggcggcg agac 264

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 111 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

cggcgaatca cttataaattg gcggccgaagc aggagcccgaa ggctaaattt gcaggagggg 60
tgagcgaatg ctgtgcttc atgggcctct tacgttgatg aggcaaagta t 111

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 32:

30 PFCEETKTER LWPRCRPPAA VGFSTQNPVG GDSESNLFSL PFLGSKANPI PTHWSSALIF60
NLPSPPFQNT HIPFQN 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

35

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 33:

50

SSFLFSFQTQ FHKNRKDKVF SSRQAKPFPH HQSILKIHEE VERSVSGRLK GSSSNPTAA60
EKIEIEILKI TS 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 : (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 34:

20 KKLDYFCAEI KNSHCKTKIK IAQIRKPGGA KCQVSKVHFF SLSKRSSTKT ARIKFSVADK60
20 QSPFHIINQS 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

25 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 : (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 35:

40 SSGPAPGCSP FAGTRKNFPS MVVLERTFLK INYIFLCIPM EFQFIRCSPW PPQNTEVIPA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

45 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 36:

ASGVHTETHR YNLLSAKSRK KGWGYLGWLG FDFLLVCLFC TKTVLSFEYR RDISIYMLSN60
QDG 63

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(A) LÄNGE: 170 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 37:

ARAARAAQTP HLTLPADLQT LHLNRPTLSP ESKLEWNNDI PEVNHLNSEH WRKTEKWTGH 60
EETNHLETDF SGDGMTELEL GPSPRLQPIR RHPKELPQYG GPGKDIFEDQ LYLPVHSDGI120
30 SVHQMFMTMAT AEHRSNSSIA GKMLTKVEKN HEKEKSQHLE GSASSSLSSD 170

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 38:

50 ARAPTLDMRF RRRLSADPHQ TQRNSAEARG TMDGRVQLMK ALLAGPLRPA ARRWRNPIPF 60
PETFDGDTDR LPEFIVQTCS YMFVDENTFS NDALKVTFLI TRLTGPAQW VIPYIRKESP120
LLNDYRGFLA EMKRVFGWEE DEDF 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

5 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 39:

20 HSLGRAPVET LAVATGTANS SQSTRPQARG SPGLEVLVLL PSKDSLHLGQ KAPVIEQGA 60
LLPDVGDHPL QGWPREAGDE ERHLQGVVGE RVLVHEHVGA RLHDELRESV GISVKRLGKG120
NRVPPATRRG PEGPGQEGLH QLHPTVHRAA RLRGVSLGCV GVSAKASPEA HVEGGGPG 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

25 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 40:

40 KLTGINTGCR NMLALCIRGH AQQIQEIYLA TFSRKGTLGI IHYILEVFLG FFFFFLRQSC60
CIAQAGSVVA QSQLIASSIT QGLSNPPTL 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

45 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 41:

IVTWRKVPMS LCQRPPPFVR IGIFRLLKGL AHIRCDLFIP VVMEGHICQS LESAKAGTRF60
PGPQWGCA NP RELGCKFVKN QHHVWQLSIG ARSLP 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 42:

CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML 60
35 ILHEFATQFS RVCTPPIWAG EPGPGLRLQ ALADVALHNN GNEKVTPYVR QALKESEYPN120
PHKRRGTLAK THGNFPPSND LDRRATQDSP SCSV 154

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

35 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 43:

LASTLGVETC LPYVSEDMLS RSKRYIWOLF LEKAHWVSFI TFLSFFGFFF FFFETVLLYC60
PGWSVVAQSQ LIASSITQA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 44:

CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML60
ILHEFATSWL PRLQHSAVGT QS 82

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 45:

40 RGSKDRNSGQ GSGSYGQLSC RGFSQFSRV CTPPLWAGEP GPGLRRLQAL ADVALHNNGN60
EKVTPYVR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

45 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 46:

DYVVSLRKKF VWGLWAVNAL GTIWKTGSCP QFLPKLDSLS GCPKSLIPGP ASPTPVTPPP60
APGPSLHPRS PPSGAHPPPPE NSRRAAR 87

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 47:

QALESGFWDT PKVSPTWGET EGSSQFSILF PTHSLPTVPT QTSFAGSQHS P

51

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 48:

RRITYKWRSS RSPKAKLQEG

20

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 49:

15 GESLINGAEA GARRLNCRRG ERMLCFHGPL TLMRQS

36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 50:

35 KHSIRSPLLQ FSLRAPASAP FISDSP

26

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

EAHESTAFAH PSCNLAFGLL LRRHL

25

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

GGCCATTTG	TGAAGAGACG	AAGACTGAGC	GGTTGTGGCC	GCGTTGCCGA	CCTCCAGCAG	60
30 CAGTCGGCTT	CTCTACCGCAG	AACCCGGGAG	TAGGAGACTC	AGAAATCGAA	TCTCTTCTCC	120
CTCCCCTCT	TGGGCAGCAA	GGCGAACCCC	ATCCCTACTC	ACTGGAGCTC	AGCTTTGATT	180
TTAACCTCC	CTTCCCCACC	CTTCCAGAAC	ACACACATTC	CATTCCAAA	CTGATTCTAT	240
AAAGACATT	TAAACATAAT	GATGCAACTT	GGTGTGCACT	ACAGCAAATG	TACAGGTGTT	300
TTTTTTAA	TTGTTTCCAA	AACCAGGACC	TGGATTAAAG	ATGTAATT	AAAAATTCT	360
35 ATTCTATTT	TTTCTGCAGC	AGTTGGGTTA	GAGGAGGAGG	AGCCTTTAG	CCTCTCATAA	420
ACTGACCTCT	CTACTTCCTC	GTGTATTTT	AAGATTGATT	GATGATGTGG	AAAGGGCTTT	480
GCTGTCTGC	TACTGAAAAC	TTTATCCTGC	GGTTTTGTG	GAAACTGCTT	TTGAAAGAG	540
AAAAGAAATG	AACTTTACTG	ACTTGACATT	TTGCACCTC	CCGTTTTCT	AATCTGGGCT	600
ATTTTATTT	TTGTTTTTT	ACAGTGAGAT	TTTTTGATC	TTCAGCTTAC	ATTTCGGGC	660
40 TTTGTGAGGA	AACCTTAC	CATCAAACAC	GATGGCCAGC	AACGTTACCA	ACAAGACAGA	720
TCCTCGCTCC	ATGAACTCCC	GTGTATTCAT	TGGGAATCTC	AACACTCTG	TGGTCAAGAA	780
ATCTGATGTG	GAGGCAATCT	TTCGAAGTA	TGGCAAATT	GTGGGCTGCT	CTGTTCTAA	840
GGGCTTGCC	TTCGTCAGT	ATGTTAATGA	GAGAAATGCC	CGGGCTGCTG	TAGCAGGAGA	900
GGATGGCAGA	ATGATTGCTG	GCCAGGTTT	AGATATTAAC	CTGGCTGCAG	AGCCAAAAGT	960
45 GAACCGAGGA	AAAGCAGGTG	TGAAACGATC	TGCAGCGGAG	ATGTACGGCT	CCTCTTTGA1020	
CTTGGACTAT	GACTTCAAC	GGGACTATTA	TGATAGGATG	TACAGTTACC	CAGCACGTGT1080	
ACCTCCTCCT	CCTCCTATTG	CTCGGGCTGT	AGTGCCTCG	AAACGTCAGC	GTGTATCAGG1140	
AAACACTTCA	CGAAGGGGCA	AAAGTGGCTT	CAATTCTAAAG	AGTGGACAGC	GGGGATCTTC1200	
CAAGTCTGGA	AAGTTGAAAG	GAGATGACCT	TCAGGCCATT	AAGAAGGGAGC	TGACCCAGAT1260	
50 AAAACAAAAA	GTGGATTCTC	TCTTGGAAAA	CCTGGAAAAA	ATTGAAAAGG	AACAGAGCAA1320	
ACAAGCAGTA	GAGATGAAGA	ATGATAAGTC	AGAAGAGGAG	CAGAGCAGCA	GCTCCGTGAA1380	
GAAAGATGAG	ACTAATGTGA	AGATGGAGTC	TGAGGGGGGT	GCAGATGACT	CTGCTGAGGA1440	
GGGGGACCTA	CTGGATGATG	ATGATAATGA	AGATCGGGGG	GATGACCGAGC	TGGAGTTGAT1500	
CAAGGATGAT	GAAAAAGAGG	CTGAGGAAGG	AGAGGATGAC	AGAGACAAGG	CCAATGGCGA1560	
55 GGATGACTCT	TAAGCACATA	GTGGGGTTA	GAAATCTTAT	CCCATTATTT	CTTACCTAG1620	
GCGCTTGTCT	AAGATCAAAT	TTTCACCAAG	ATCCTCTCCC	CTAGTATCTT	CAGCACATGC1680	
TCACTGTTCT	CCCCATCCTT	GTCCTTCCC	TGTTCATTA	TTCATATTGC	CCCGCGCCTA1740	

GTCCCATTT CACTTCCTT GACGCTCCTA GTAGTTTGT TAAGTCTTAC CCTGTAATTT1800
 TTGCTTTAA TTTGATACC TCTTTATGAC TTAACAATAA AAAGGATGTA TGGTTTTAT1860
 CAACTGTC CAAATAATC TCTGTTATG CAGGGAGTAC AGTTCTTTC ATTACATACAT1920
 5 AAGTCAGTA GTTGCCTCCC TAATGCAAA GGCAATCTCA TTAGTTGAG TAGCTCTGA1980
 AAGCAGCTT GAGTTAGAAG TATGTGTGTT ACACCCCTCAC ATTAGTGTGC TGTGTGGGC2040
 AGTTCAACAC AAATGTAACA ATGTATTTT GTGAATGAGA GTTGGCATGT CAAATGCATC2100
 CTCTAGAAA ATAATTAGTG TTATAGTCTT AAGATTGTT TTCTAAAGTT GATACTGTGG2160
 GTTATTTTG TGAACAGCCT GATGTTGGG ACCTTTTTC CTCAAAATAA ACAAGTCCTT2220
 10 ATAAACACAG GAATTTGGAG AAAAAAAA AAAAAAATTT TTTATTTTG TATTTTATTA2280
 TTGTTTACTT CAAACTTGT TTTACAGCGT CCTCCACAAA ACCTCTAGAA TGCACTAGAT2340
 ATATTTTCTT TGGAGTCATA ATCATGATGC ATACCAACAC AACACTACTC AAATTATATT2400
 TCATTGAGAT GCATGTTGCA TTGAGGAGTC AACTTGACAT AGAGTGGAGA CTTTTCAAA2460
 ATGGCTTTA CATCCTAATG AAAGTTGGG AAGTATATCC TCTCTGCCTT TTCATCAGTG2520
 CTTTGTGGTC CAGCTGGCAC CCTTCTGAG GTTGTGTT TGTGCTAAAT GGTTTGTCC2580
 15 TAAATAGGA GAGGCTCAAA AACATCAAGA TTTCAGGAAA ATGGCGACAC TGGCATAATG2640
 GAACCCCCCT GCTCTATTT TGTCTTTA ATTACTATTT ATAGCCCCAG TTACCTCTG2700
 AATTCTGAAG TGTATATACC TCCATGTTCC TGAAAACAAG AAAACTCTTA CTTCTGTATA2760
 TTCCATAGAC TGCCTTCCA GGTGATTGAG AACATAGAGA ATGTTACACA TTTATTTAC2820
 TCTAAATGAT CTTTACCCC TGTAGCTAA TCTTGTGTT TCCCTCAACT TTATTAATTA2880
 20 CAGTGATTGC ATTTTAGCA TCCAGTTGTA AGATGAATAT ATAAACAGC TACCAAGTGT2940
 GGTGATACCT CATCCTGAA AGGCTTAGTT CATTGTGTT TTATACCTCA GTTTTCCAG3000
 CATAGCAGAA AATGCCGCTT ATAATTTTG TGACACACAA CCTTGGAAATC CCCCTGTAAA3060
 GTTGCTATGG TTTCATAGCA TGCGGCACTG GCCCCTTTT CATCCCACTC ATTACAGGCA3120
 AAACCCATGT CTTATTATG AGGATTTAT AGATCATTCT GTAACAGG TGACAAAAGC3180
 25 AGAAAAGAAT GAAGAGGCTG AAGTATGAAC TACCCCTGGA GCCCATATAC ATGATATAGG3240
 CAATTTCTT TGTATGTTAA TTCAGTCAAA AATACTACCC ACTTGATGTT TTCTAATCTG3300
 ATGTGAGCTC ATGTTACACA GACTTTAGT AAGTAACCCG TGACTAGAAA ATAAACTGGA3360
 TGCTTAGGAG AGAGTGTCAAG ATGTATAAGA TGCTAATAAA ACCTGTTAA TATTATTGTT3420
 AGCTGTAAGT TTTGGAAA TACTGAACAA ATTAGTCCAC AATCAAGTGT CTACTTTCC3480
 30 CTTCACTGTA GGGCCTCTCC CTGCACAGAG CAGTCTGTT AGCTGTGAAC ACCACAATCT3540
 GCAGATGTTCA AAGTCCCTTA CATAAAATGG CATAGTATTT ATATGTAACC TATGCATATT3600
 CTCTGTATA TTTAAATCA TCTCTACATT AAAATACCTG ATAAAATCTA AATAAAA3660
 AAAAA

3665

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

40 (A) LÄNGE: 301 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 53:

GNLYPSNTMA SNVTNKTDPR SMNSRVFIGN LNTLVVKKSD VEAIFSKYKGK IVGCSVHKGF 60
 AFVQYVNERN ARAAVAGEDG RMIAGQVLDI NLAAEPKVNR GKAGVKRSAA EMYGSSFDLD120
 55 YDFQRDYYDR MYSYPARVPP PPPIARAVVP SKRQRVSGNT SRRGKSGFNS KSGQRGSSKS180
 GKLKGDDLQA IKKELTQIKQ KVDSLLENLE KIEKEQSKQA VEMKNDKSEE EQSSSSVKKD240
 ETNVKMESEG GADDSAEEGD LLDDDDNEDR GDDQLELIKD DEKEAEEGED DRDKANGEDD300
 S

301

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

5 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 54:

20 ESSSPLALSL SSSPSSASFS SSLINSSWSS PRSSLSSSS RSPSSAESSA PPSDSIFTLV 60
SSFFTELLLC SSSDLSFVIS TACLLCSFSI FSRFSRREST FCFIWVSSFL MA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

25 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 55:

40 TRNLEKKKKK NFLFLYFIIV YFKLCFTASS TKPLECTRYI FLGVIIMMHT NTTLLKLYFI 60
EMHVALRSQD DIEWRLFQNG FYILMKVWEV YPLCLFISAL WSSWHPF 107

Patentsprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, 5 umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 14-18, 30, 10 31, 52.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 20 31, 52 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq.ID 52, dadurch 25 gekennzeichnet, daß sie in Uterusmyomgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq.ID 52, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 30
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist. 35
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 45 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq. ID 52 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 15 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 32-51 und Seq. ID Nos. 53-55.
- 20 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 30 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 32 bis 51 und Seq. ID Nos. 53-55, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom.
- 40 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq. ID No. 52 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden können.
- 45 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq. ID No. 52 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterusmyom.
- 50 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uterusmyom.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55.

5

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

10

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

15

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52.

20

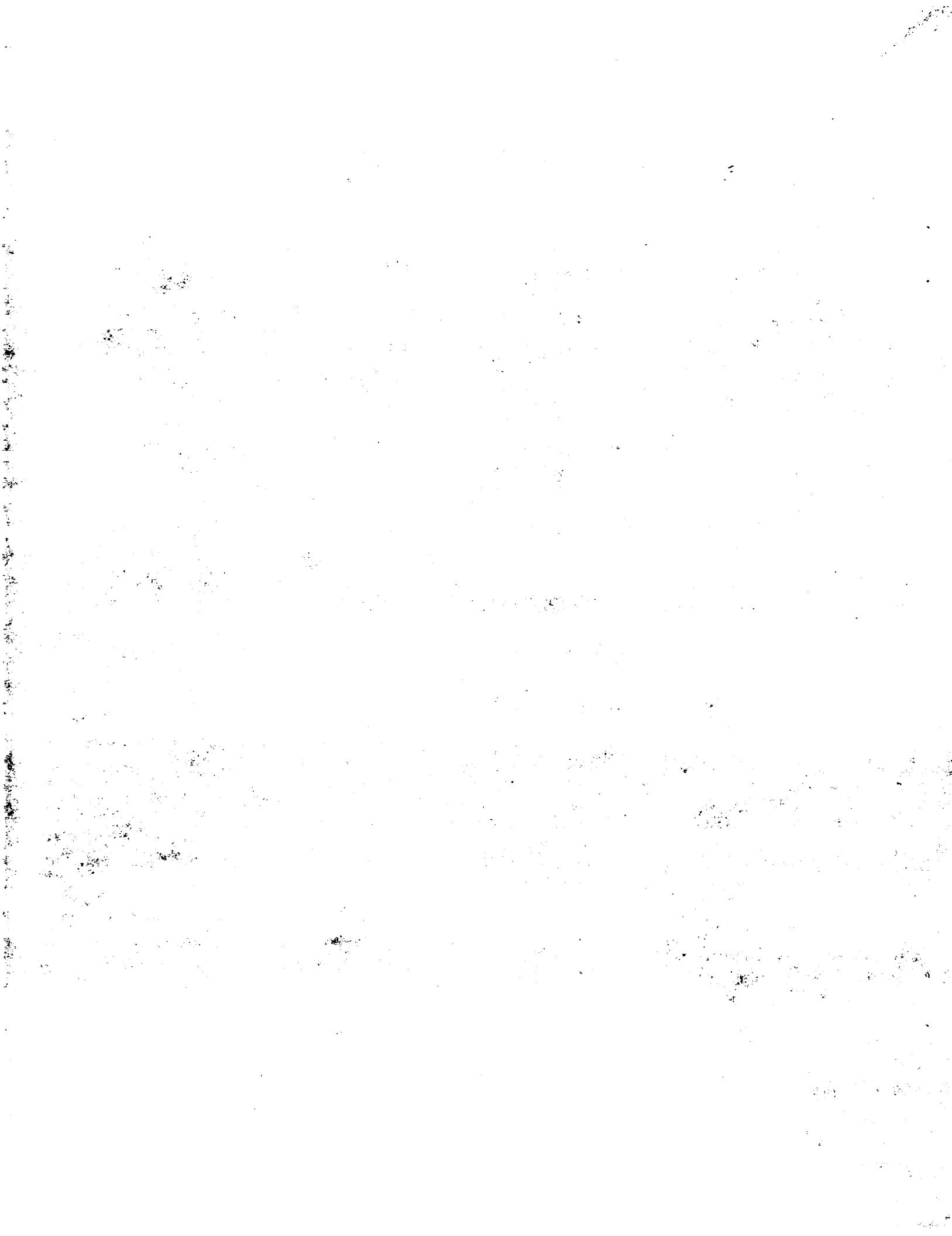
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

25

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

30

35



Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

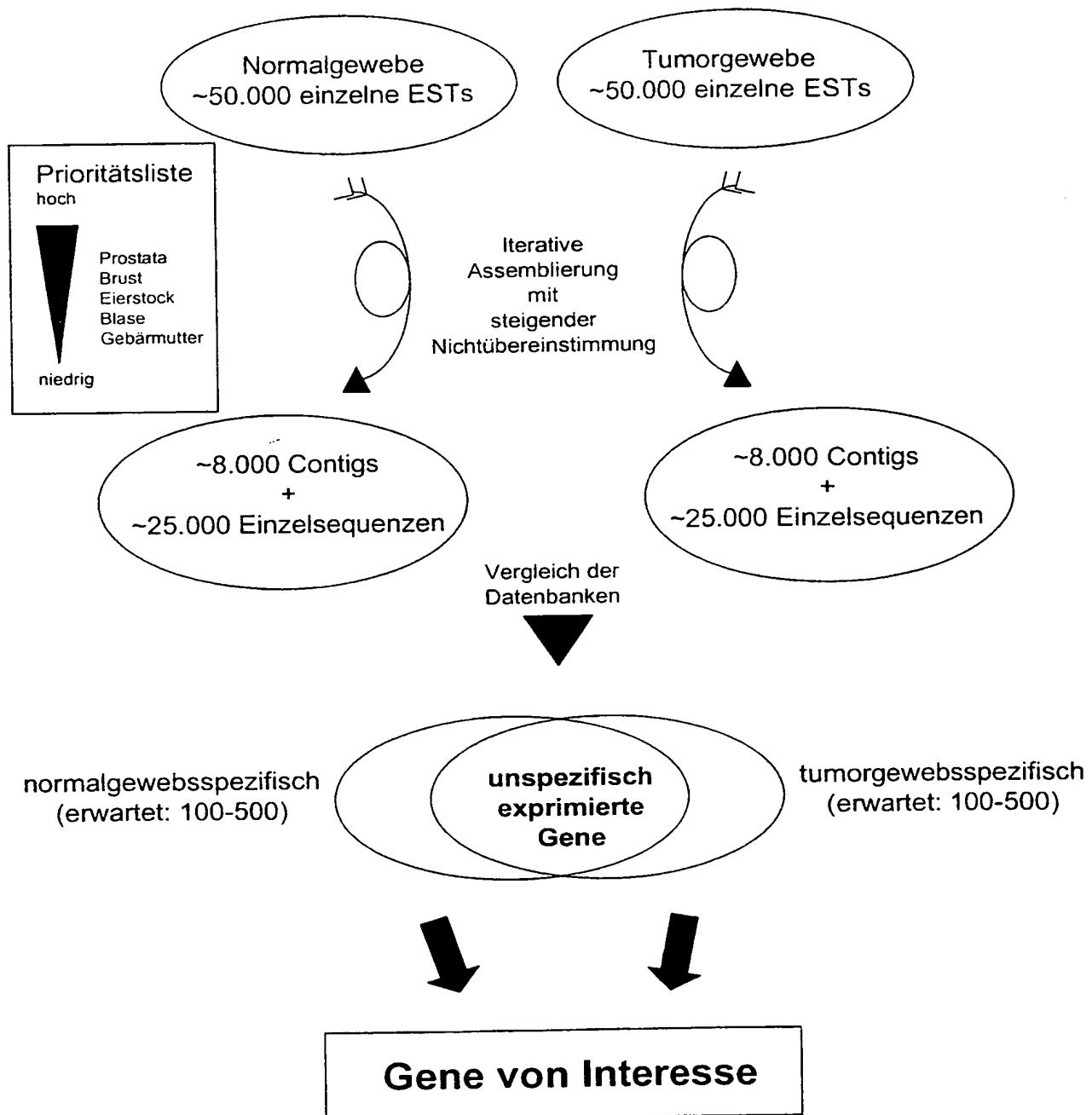


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

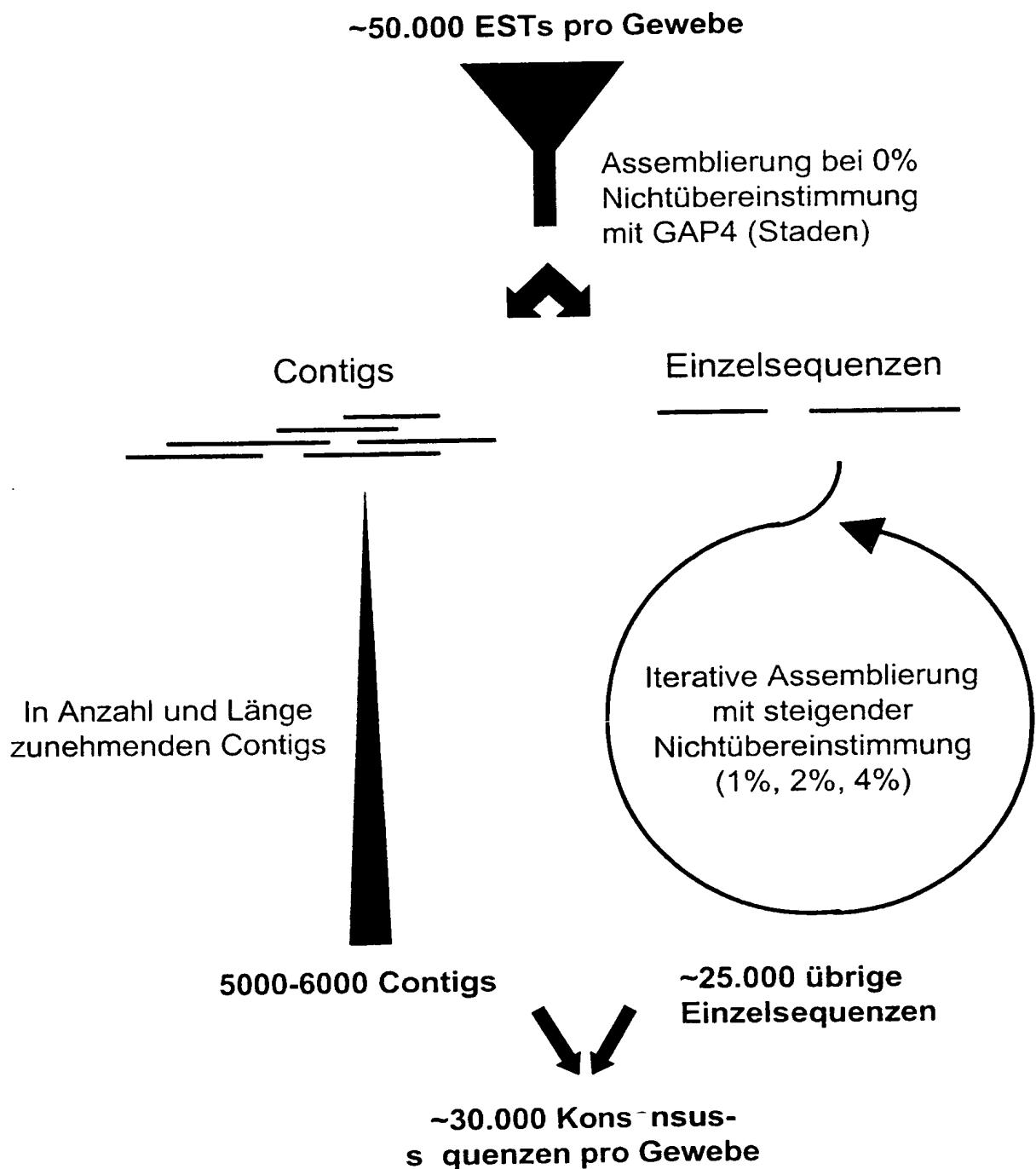
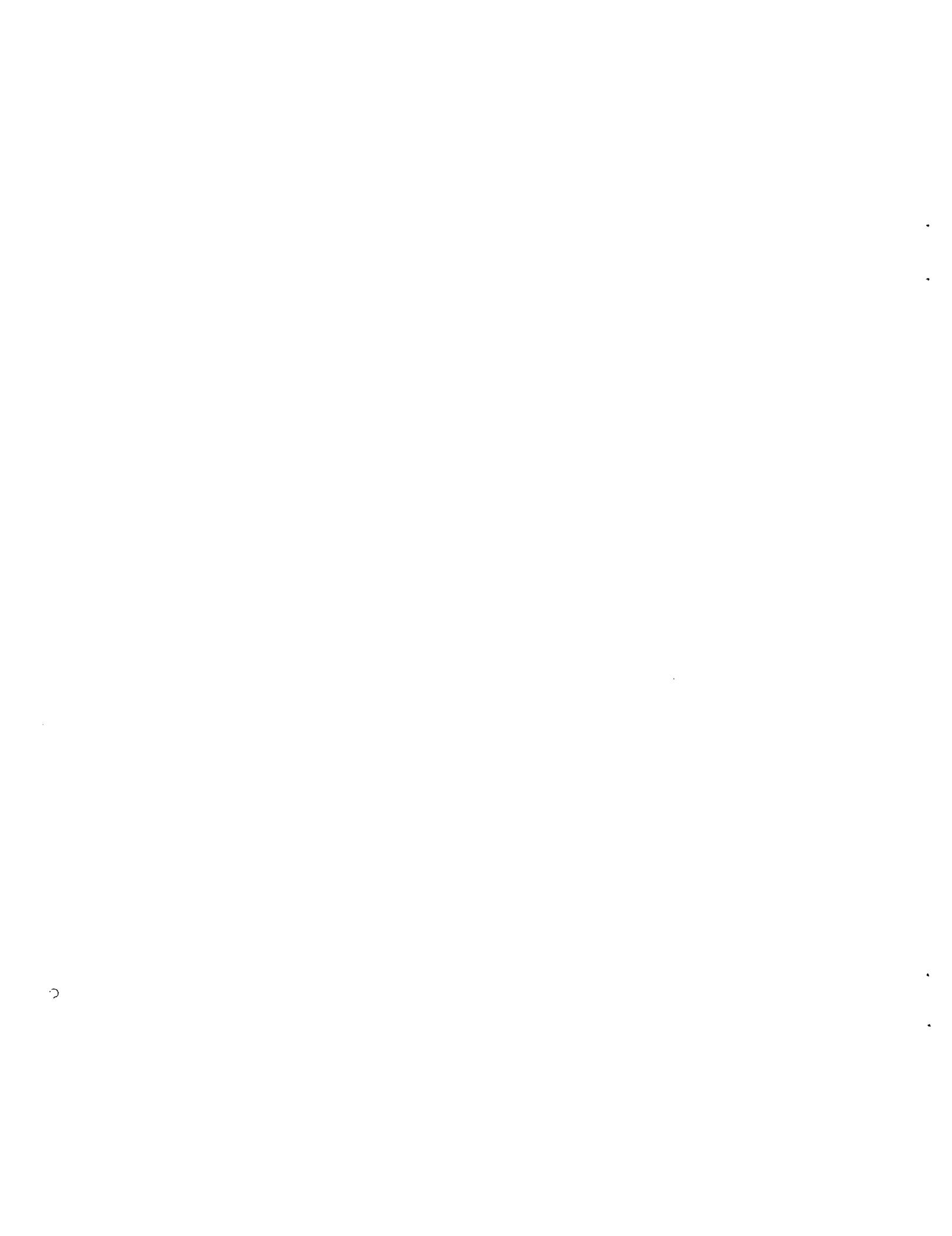


Fig. 2a



3/10

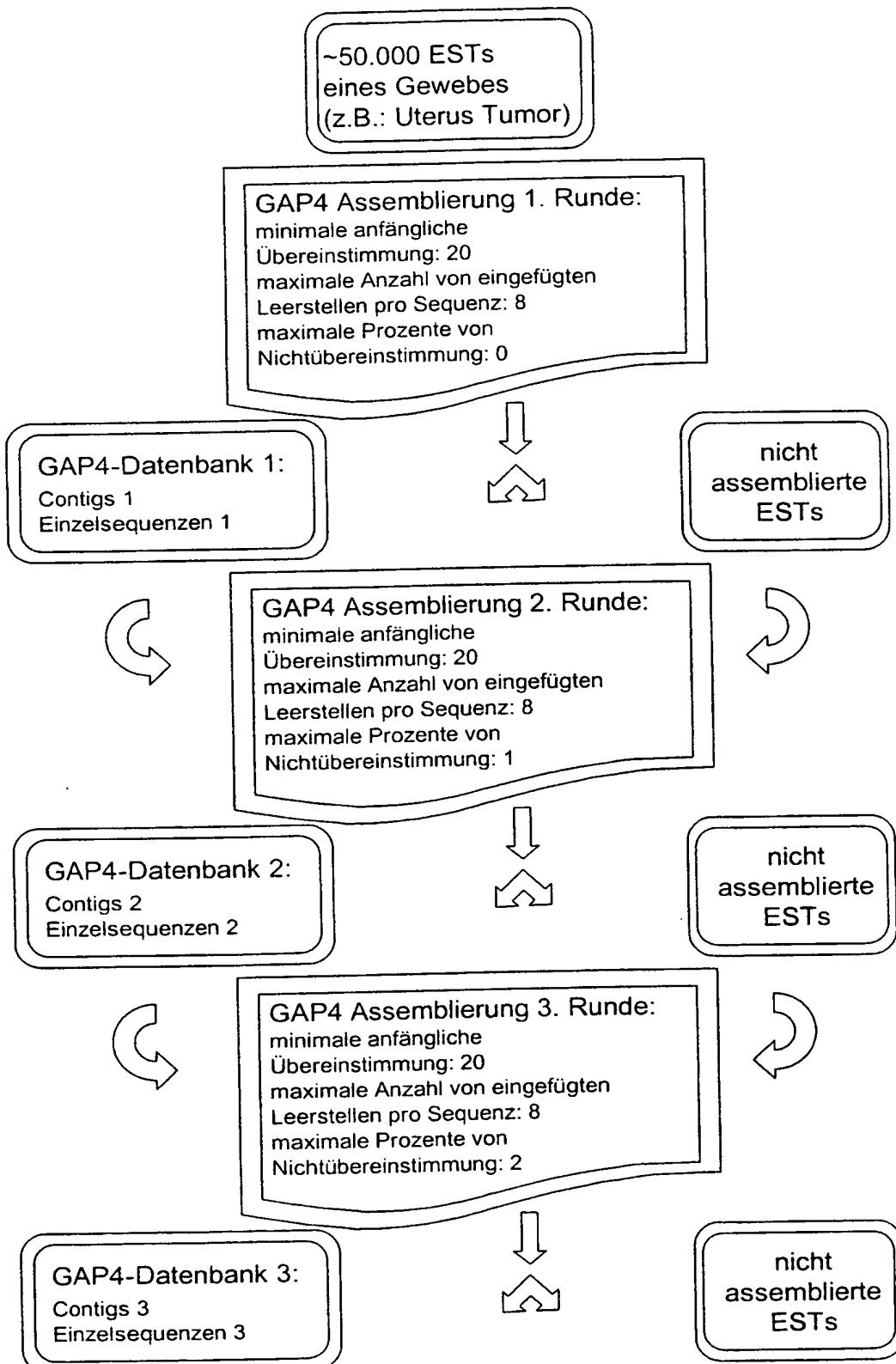
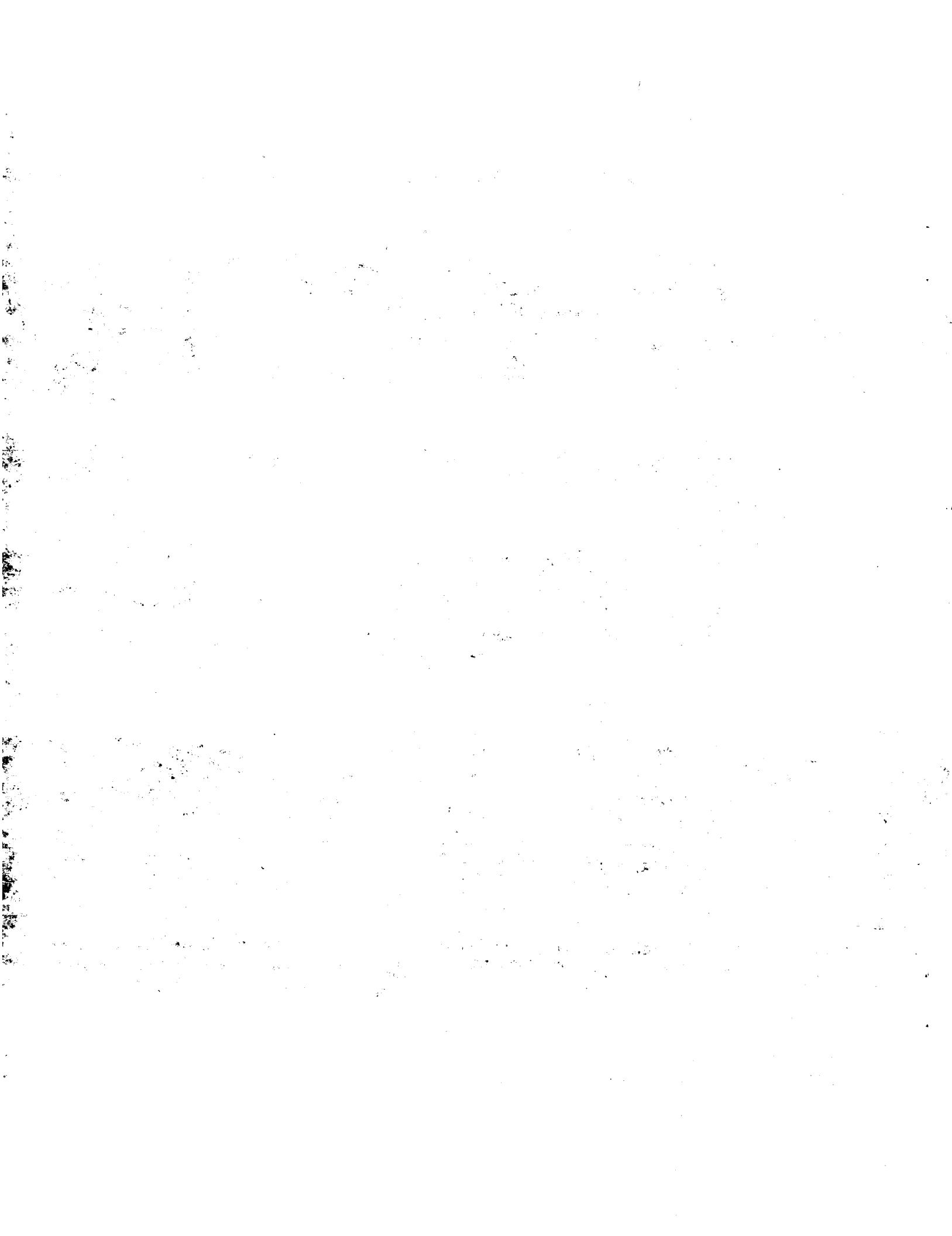


Fig. 2b1



4/10

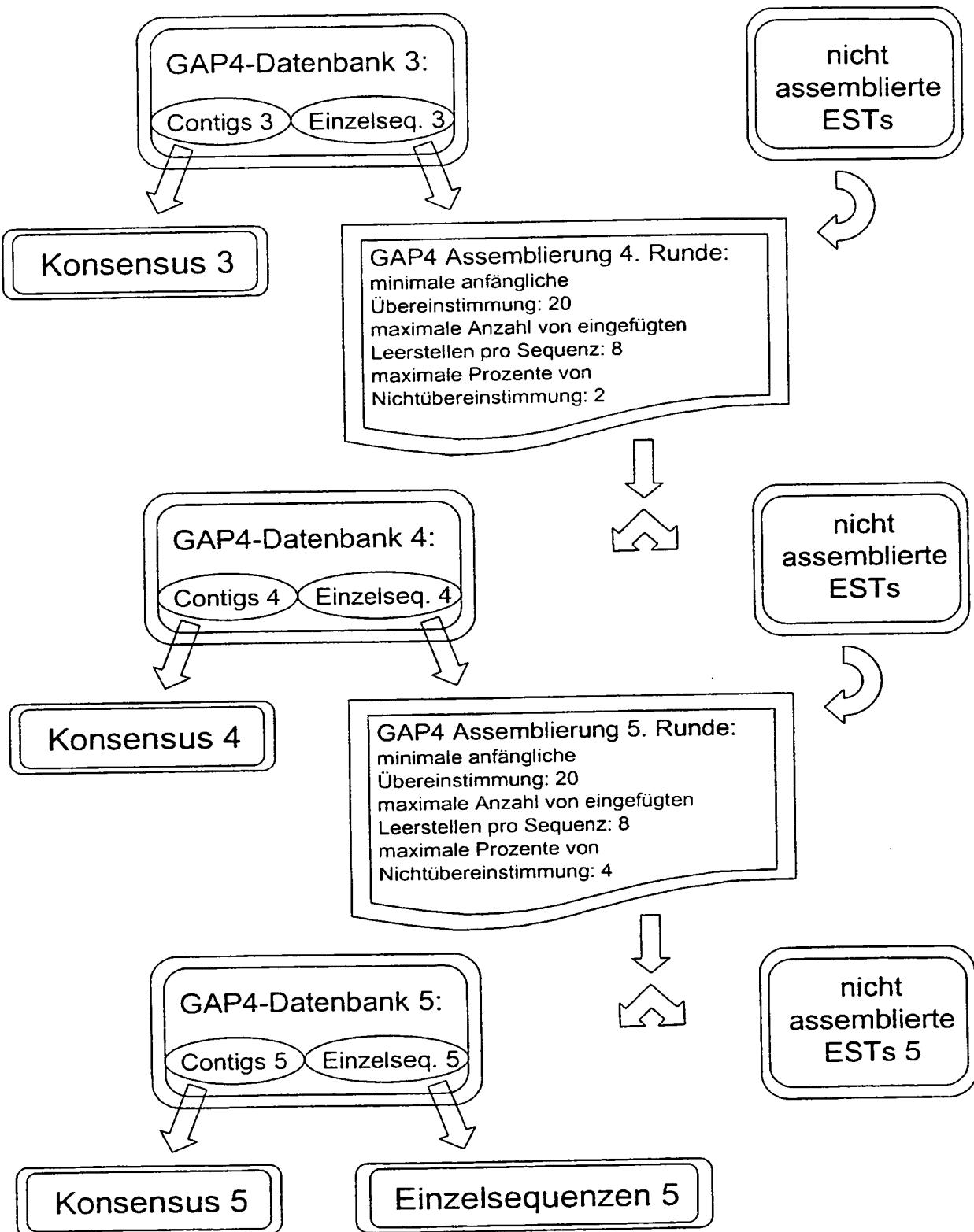


Fig. 2b2

5/10

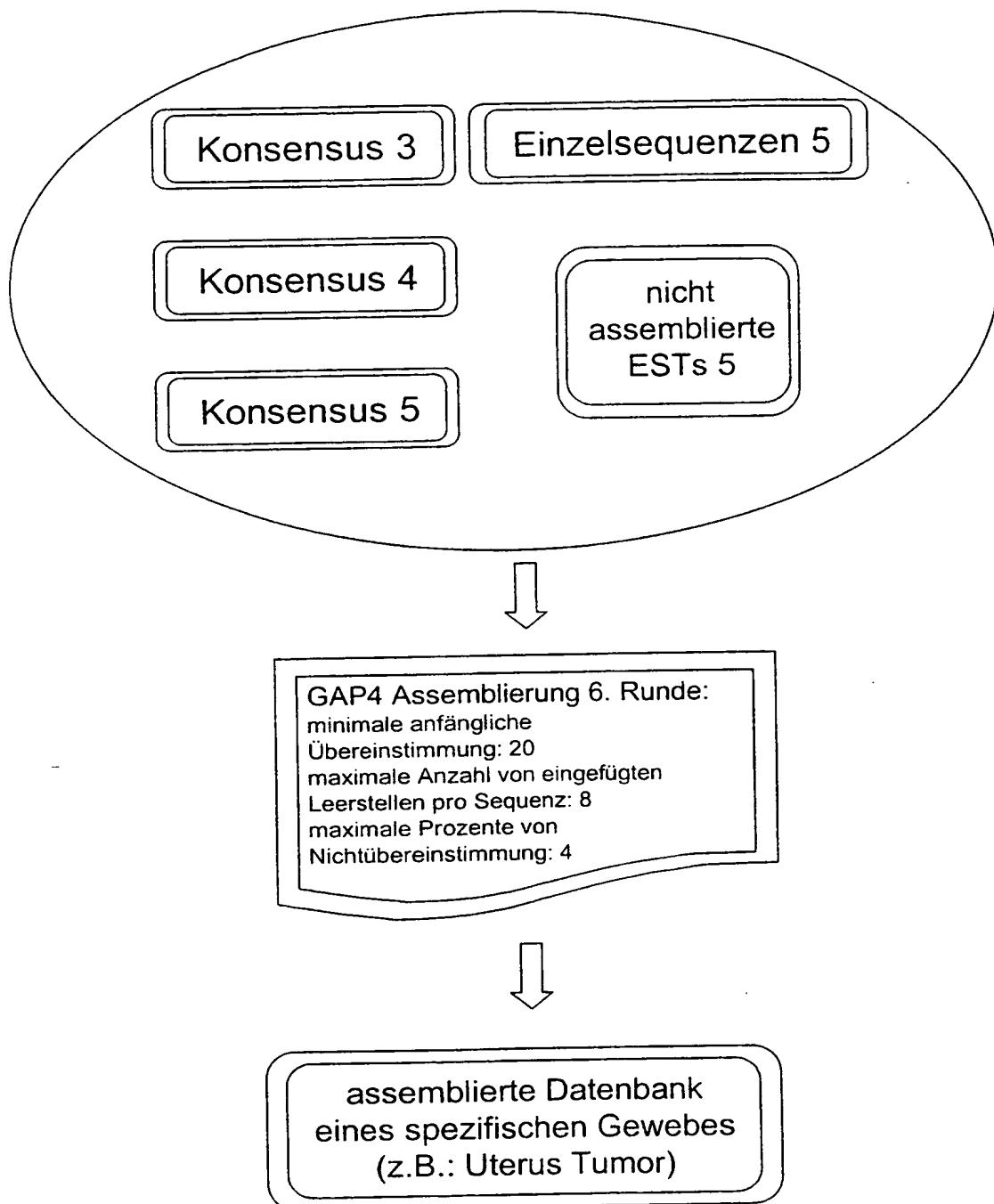


Fig. 2b3

6/10

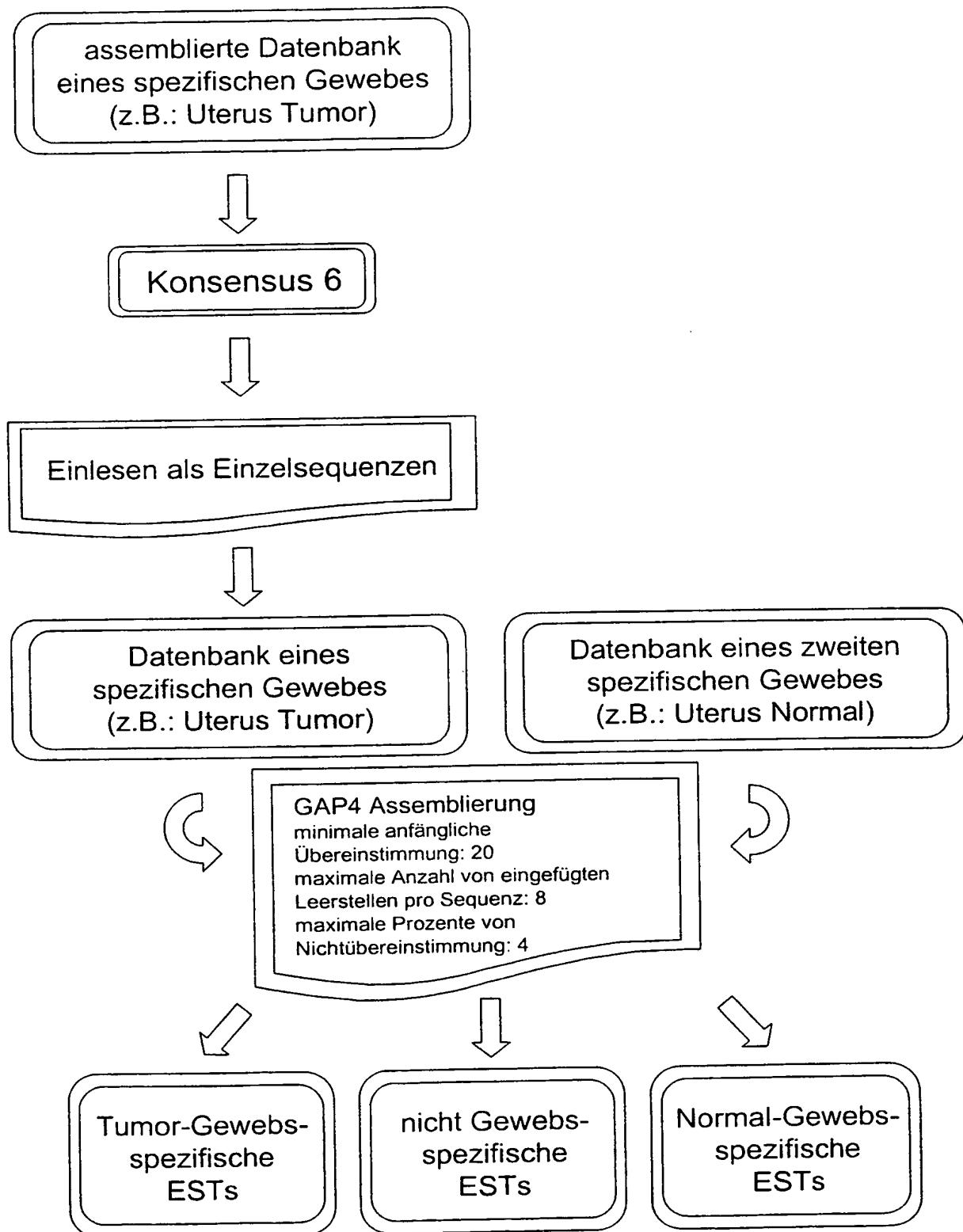


Fig. 2b4

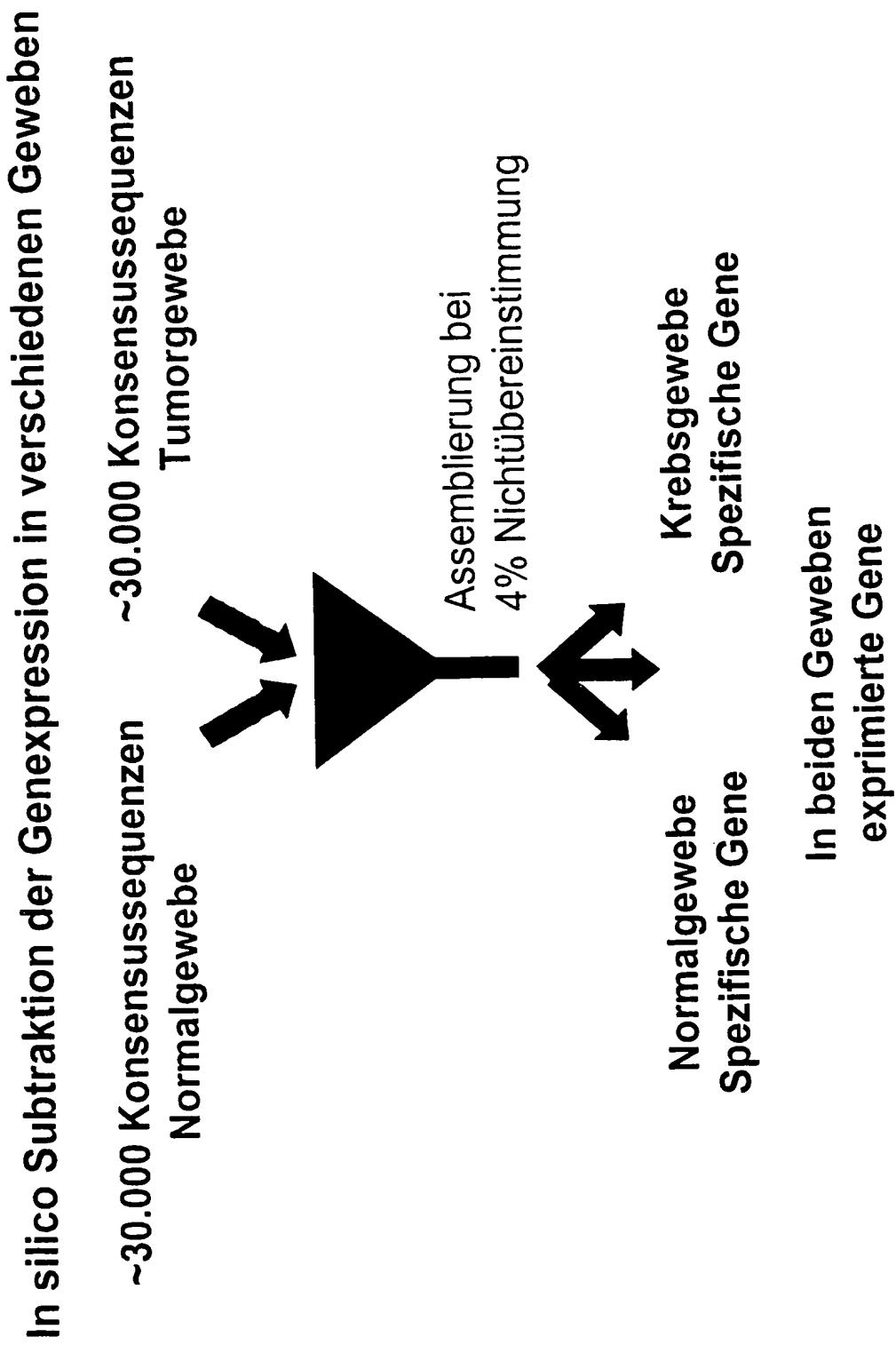


Fig. 3



8/10

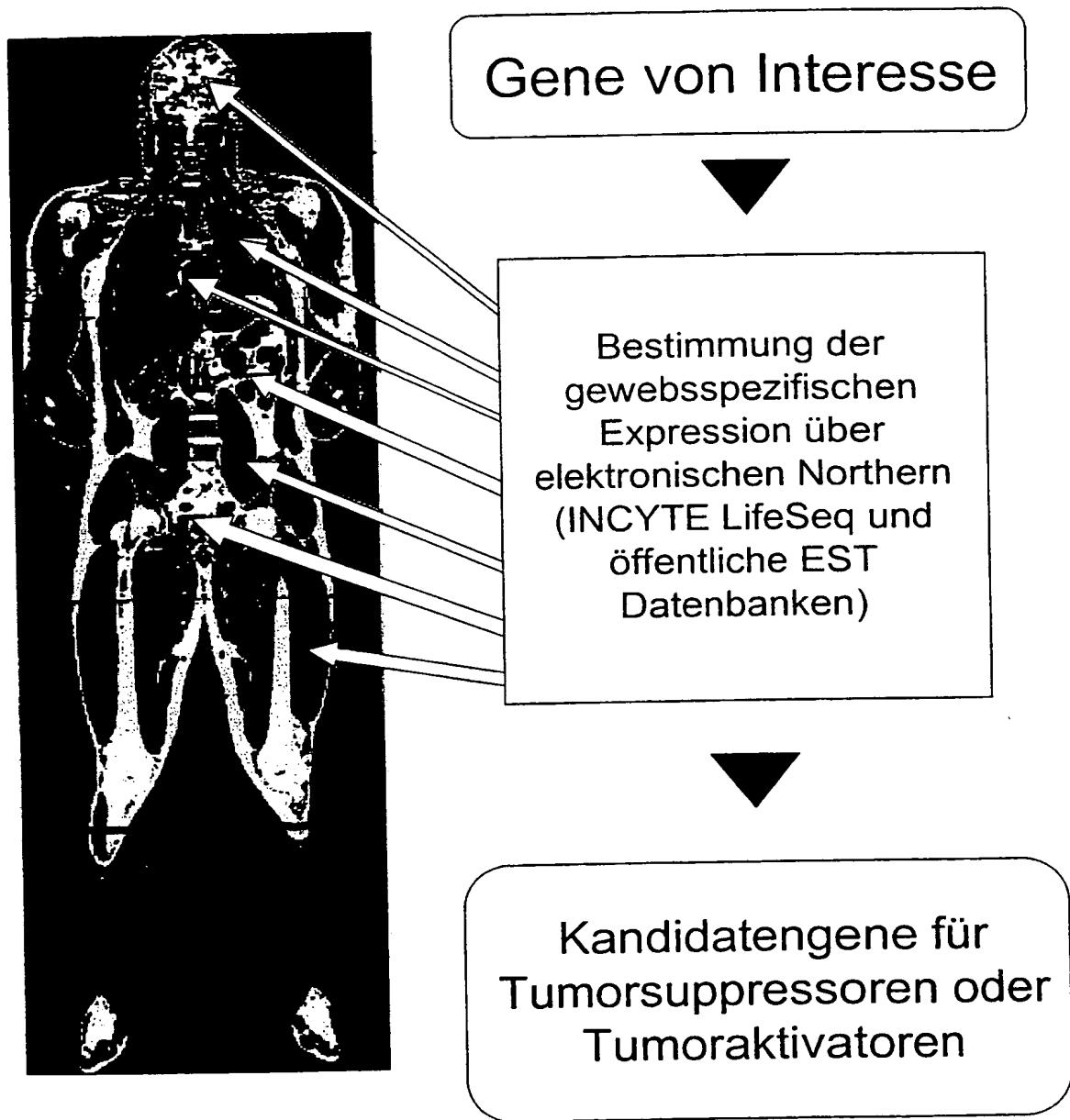


Fig. 4a



9/10

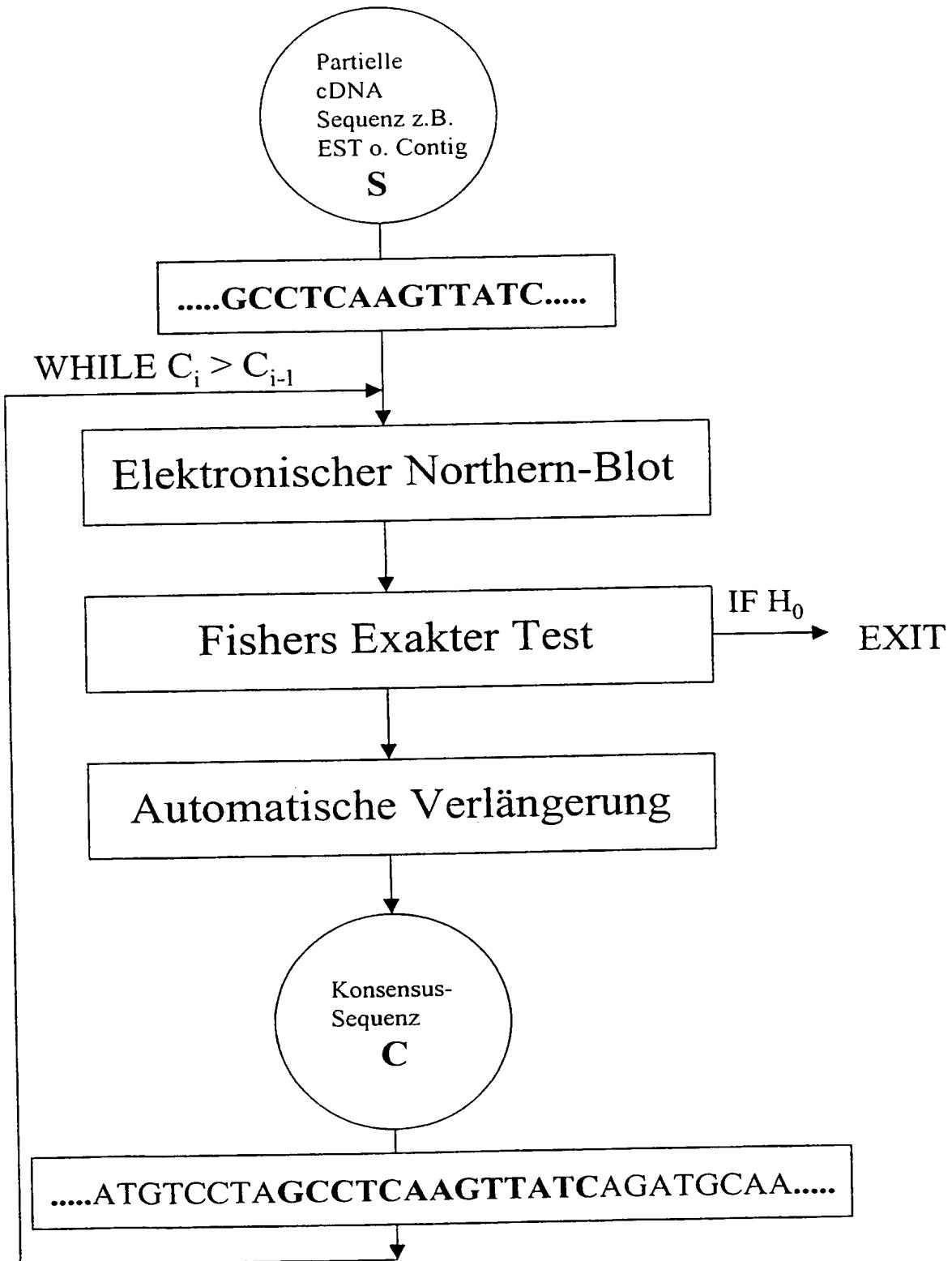
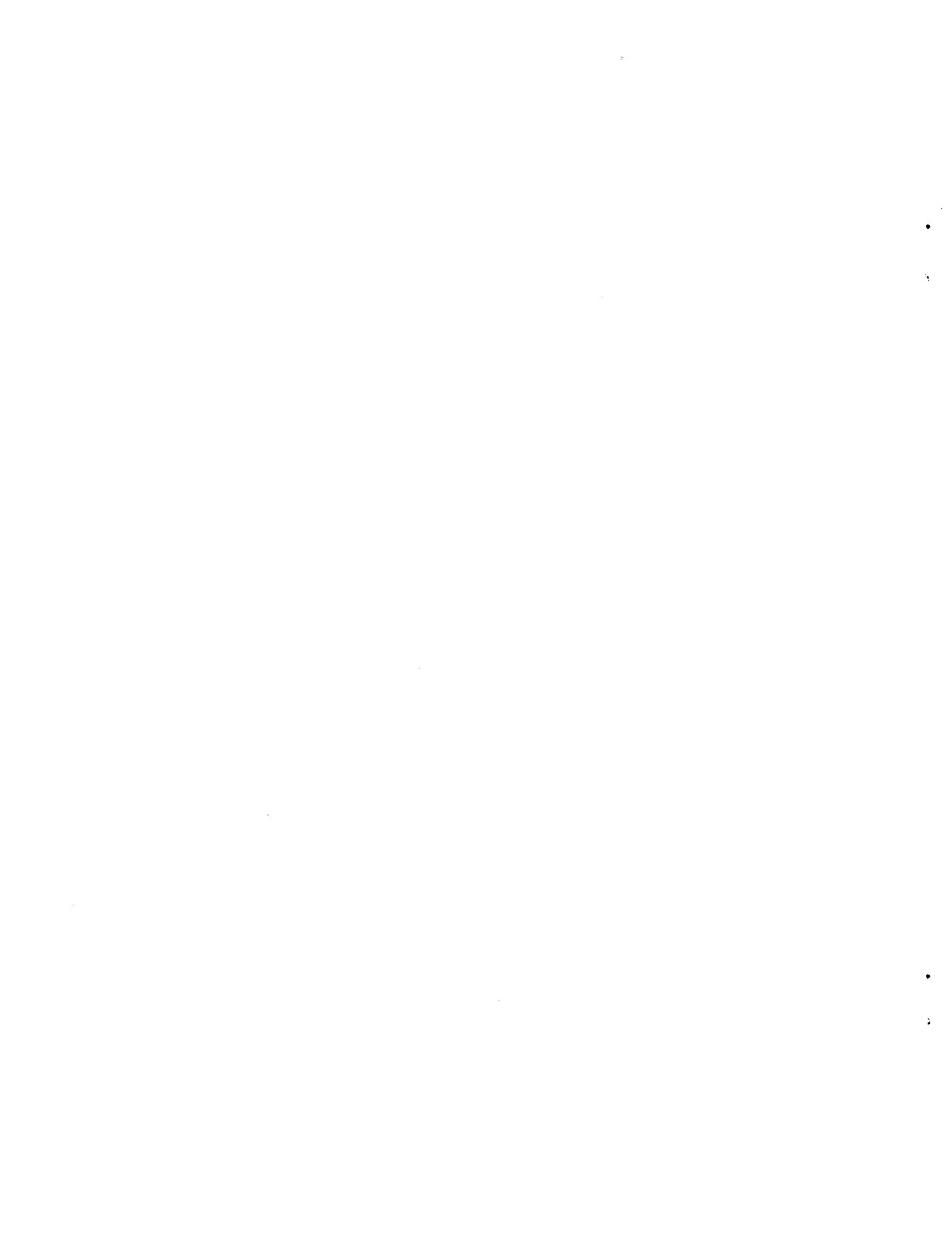


Fig. 4b



10/10

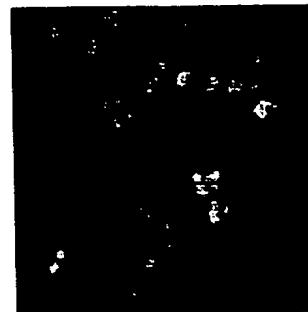
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

THIS PAGE BLANK (USPTO)